



**HAL**  
open science

# Quand la génétique permet de donner un nom au défunt

Caroline Costedoat

► **To cite this version:**

Caroline Costedoat. Quand la génétique permet de donner un nom au défunt. *Revue Historique des Armées*, 2019, 294 (1), pp.55-66. 10.3917/rha.294.0055 . hal-03518402

**HAL Id: hal-03518402**

**<https://hal.science/hal-03518402>**

Submitted on 11 Jan 2022

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

# Quand la génétique permet de donner un nom au défunt

Caroline Costedoat

voire empêcher, l'utilisation de techniques les plus sophistiquées.

## Introduction

Dans le long chemin qu'est le deuil, il est un fait, qui au-delà des différences culturelles et culturelles, est universel : le besoin de récupérer les restes des défunts. Selon le contexte de la mort, cette requête peut être plus ou moins délicate à honorer, non pas par manque de volonté des différentes autorités, mais à cause du lieu et de la date de découverte du corps, qui peuvent rendre difficile la reconnaissance de l'individu. Ce qui est souvent le cas lors de conflits armés.

Comment donc appréhender au mieux l'identification des soldats pour les rendre aux familles ou pour les enterrer avec les honneurs dans une sépulture militaire en accord avec leur nationalité ?

Il existe différentes approches et différents outils pour répondre à cette problématique (figure 1). Leur choix d'application dépendra notamment de l'état *du* ou *des* corps retrouvés mais également du contexte chronologique de leur mort (contexte archéologique ou contexte actuel). Il existe de multiples contraintes pouvant empêcher l'identification des défunts dans les situations de conflits armés. Ces contraintes ne sont pas toujours d'ordre méthodologique mais peuvent être d'ordre sécuritaire pour le personnel en charge de recueillir les données de terrain, et de ce fait, peuvent limiter,

Figure 1

L'utilisation de ces différentes approches entraîne l'obtention d'une grande quantité de données de différentes natures. Il devient donc impératif de hiérarchiser les informations recueillies, et de ce fait, leur utilisation oblige la mise en place d'une méthodologie rigoureuse dans le processus « d'identification ».

Parmi ces approches, l'identification par la génétique a littéralement bouleversé les milieux scientifiques et judiciaires. Depuis une dizaine d'années les techniques d'analyses moléculaires se sont affinées au point de permettre l'obtention de résultats concluants à partir d'une infime quantité d'ADN. Nous sommes passés de l'approche par tests sanguins à une réelle « preuve » par ADN permettant une précision accrue dans l'identification (qu'elle soit populationnelle ou individuelle) et autorisant également des informations sur les filiations entre individus apparentés.

Mais, bien que puissant, l'outil génétique reste un outil. Il existe donc des cas où son utilisation est limitée, voire inutile ou insensée. Tout dépend de la question posée, tout dépend du contexte dans lequel on se trouve. Nous ne reviendrons pas ici sur les aspects démographiques résultants des différents conflits armés qui ont eu, ou qui ont,

selon les niveaux d'hécatombes, des conséquences plus ou moins majeures sur la diversité génétique de certaines populations du monde (on peut citer l'exemple de la guerre de la Triple-Alliance qui de mai 1865 à mars 1870 opposa une coalition composée du Brésil, de l'Argentine et du l'Uruguay, au Paraguay et pour laquelle on suppose une extermination des 2/3 de la population paraguayenne en 5 ans). Nous resterons ici dans un cadre méthodologique de l'utilisation de l'ADN comme outil d'identification dans un contexte de pertes militaires que nous illustrerons par quelques exemples marquants.

## L'identification ou les identifications

L'identification de restes humains est une problématique complexe qui nous conduit à nous interroger sur la notion même d'« identification ». Comme nous allons le voir, ce terme présente différentes significations liées à différentes échelles de considération que nous devons définir avant de pouvoir arriver au niveau de la génétique.

L'identification souvent *post-mortem* consiste en l'étude combinatoire de jeux de données *ante-mortem* et *post-mortem*. Les données *ante-mortem* correspondent à tout ce qui concerne la vie de l'individu jusqu'à sa mort (ces données sont notamment issues d'archives et documentations historiques, des enregistrements médicaux, etc...). Les données *post-mortem*, quant à elles, sont les informations personnelles déduites des données corporelles mais également du mobilier<sup>1</sup> retrouvé avec le défunt. Il sera ainsi possible, après étude de ces données, d'obtenir une « identification positive » lorsque les informations *ante-mortem* et *post-mortem* correspondent, et une « identification présumée » lorsque trop peu d'informations sont

disponibles mais que des éléments majeurs (telle qu'une stature inhabituelle, des traces particulières sur le squelette, des informations médicales personnelles etc...) laissent suggérer fortement l'identification et ne sont pas le fruit d'évidences artefactuelles.

Toutes ces informations, de nature et de chronologie différentes, nous permettent de différencier deux types d'identifications. La première est l'identification « *sociale* » ou culturelle. Elle correspond au nom par lequel la personne est connue dans sa vie de tous les jours, et à tout ce qui est indirectement impliqués à travers ce nom, à savoir les relations familiales avec d'autres membres de la famille ou encore sa position dans la société. Dans un contexte de pertes militaires, cette identification « *sociale* » relate également les informations du soldat sur son unité régimentaire, son lieu de recrutement, son numéro matricule... En parallèle de cette identification, nous définissons une identification dite « *biologique* » et dans le cadre de cet article nous nous focaliserons sur les paramètres « *génétiques* » de cette identification (figure 1). Selon le contexte de l'étude, ces deux types d'identifications (ID sociale et ID génétique) n'ont pas le même poids dans le processus d'identification et la robustesse statistique attribuée à l'identification finale va dépendre de la part de chacun de ces deux types d'identifications (cf. Table 7.2 dans Loe *et al.* 2014 et également Thompson et Black 2007 pour une discussion plus détaillée sur l'identification des morts).

Le principe de la recherche identitaire sera le suivant : est-ce que l'identification génétique correspond à l'identification sociale qui a été établie.

Cependant, cette comparaison implique d'avoir en tête certaines limites. De tout temps à jamais et dans toutes les cultures, il existe des relations de non-paternités et d'adoptions au sein

des familles. Ces événements pouvant être connus ou non connus au sein des familles. Leurs taux sont difficilement appréciables. Une estimation de non-paternité a été estimée à environ 5-10 % (Gilding 2005) mais elle a été revue à la baisse aux environ de 2 % par Anderson (2006) qui spécifie aussi que cette valeur dépend des populations et des cultures. Ces aspects sont importants car ils impliquent i) une perte potentielle du nombre d'identification de ces personnes illégitimes ou adoptées, liée au fait qu'il n'y a pas de lien de parenté entre le soldat défunt et les membres des familles actuelles supposées ; ii) que l'identification « sociale » ne correspondra pas à l'identification « génétique » car le bagage génétique du soldat est différent de celui des autres membres de la famille. Ces aspects de « découvertes accidentelles » posent des problèmes éthiques qui sont encore aujourd'hui soumis à débats. En effet, comment gérer ce type d'informations vis-à-vis des familles qui ne sont pas forcément au courant de ces faits (Wolf et al. 2008 ; Parker 2008 ; Parker et al. 2013). Ainsi, dans la plupart des études (exemple dans l'étude de Fromelles dont nous reparlerons ultérieurement) les familles ne sont pas tenues au courant de ces découvertes accidentelles, car les effets négatifs de telles révélations sont souvent plus importants que les effets positifs (Parker et al. 2013), mais cette décision est prise au cas par cas, car fortement contexte dépendant.

Maintenant que nous avons défini ces deux types d'identifications, nous allons expliquer la procédure générale. La méthodologie présentée est adaptée de Cox (2010) et Jones (2010). Nous ne rentrerons pas ici dans les détails statistiques de cette méthode. De façon générale, en fonction de la qualité et de la quantité des éléments informatifs, trois catégories peuvent être définies aussi bien en ce qui concerne l'identification sociale (Table 1) que pour l'identification génétique (Table 2). Ces catégories permettent de

hiérarchiser la robustesse de l'identification.

Table 1 : Définition des trois catégories d'identifications sociales.

Table 2 : Définition des trois catégories d'identifications génétiques. La notion de « correspondance du profil ADN » sera détaillée dans le chapitre suivant.

Il est enfin une autre notion qu'il est important de notifier ici. En effet, l'identification génétique peut présenter plusieurs niveaux, de façon intuitive, lorsque nous parlons d'identification, nous associons la notion d'individu (identification individuelle), or il est possible par l'étude ADN d'obtenir d'autres niveaux d'identification. On pourra en effet définir une identification dite populationnelle<sup>2</sup>. Dans ce cas-là, ce n'est pas l'individu qui est nommé mais la population à laquelle l'individu appartient. Cette attribution est liée au fait que certains variants génétiques sont populations/environnements dépendants et de ce fait on peut avoir une information biogéographique de type « population d'origine européenne, africaine, etc... ».

Mais dans certains cas, l'outil génétique est utilisé afin d'obtenir une identification quantitative (et non qualitative). En effet, selon la nature des conflits et des restes retrouvés (sépultures multiples, charniers, etc...) les corps sont entrelacés, mélangés. Dans ces contextes-là, l'outil génétique permet de réassocier toutes les parties d'un même corps. En effet, lorsque les restes squelettiques sont très fragmentés/désarticulés et mélangés avec les éléments squelettiques d'autres corps, il est possible d'associer les analyses ADN avec un examen anthropologique, pour aider à déterminer combien d'individus (au minimum) sont représentés dans les restes mélangés. Il est ainsi possible de savoir combien de défunts différents sont présents sans pouvoir pour autant dire qu'ils sont.

Le choix du niveau d'identification génétique dépend notamment des conditions de conservation (temporelles et spatiales) qui influenceront fortement l'échelle à laquelle l'étude est possible. En tout état de cause, l'outil génétique est rarement utilisé seul. Ces problématiques d'identifications allient des preuves de natures différentes (anthropologiques, historiques, archéologiques, médico-légales...) qui sont indispensables pour « retracer l'histoire » du soldat défunt. De part ces propriétés, l'outil génétique apporte indubitablement une plus grande fiabilité à l'identification et de ce fait est un outil crucial.

## Étude de l'ADN : des disparités chronologiques et spatiales

Comme nous venons de le voir dans le chapitre précédent, la valeur des observations anthropologiques dans un processus d'identification, reflète le mélange entre des paramètres biologiques hérités et d'autres acquis durant la vie et ce jusqu'à la mort. Ceux qui sont hérités incluent l'ADN, les maladies génétiques héréditaires, ... Ceux qui sont acquis sont le résultat du mode de vie ou du milieu de vie de l'individu (alimentation, climat, exposition à des violences personnelles, maladies, interventions chirurgicales...).

L'ADN a été découvert par Friedrich Miescher en 1869 mais il fallut attendre plus d'une quarantaine d'années pour découvrir la structure de la molécule d'ADN grâce aux travaux de Watson, Crick, Wilkins et Franklin. Entre temps, les travaux de Thomas Hunt Morgan permirent de démontrer que l'unité héréditaire (le gène) se trouve sur les chromosomes. L'ADN présente des

propriétés uniques, notamment en ce qui concerne sa transmission d'une génération à l'autre.

Le concept de profil ADN ou profil génétique a été développé par Alex Jeffrey en 1984 et repose sur le fait que des fragments particuliers d'ADN présentent des variations qui sont régies par les lois d'hérédité préalablement définies par Gregor Mendel au 19<sup>e</sup> siècle. Il est ainsi possible de comparer les profils et d'observer les similarités et les différences entre les individus.

Le génome humain, qui contient 3,2 milliards de paires de base, est physiquement organisé en 23 paires de chromosomes (22 paires de chromosomes homologues [autosomes] et une paire de chromosomes sexuels X/Y permettant de définir une femme comme XX et un homme comme XY). Ces chromosomes se trouvent dans le noyau de la cellule, d'où le terme « ADN nucléaire ». Chacune des cellules d'une personne contient deux exemplaires de chaque chromosome (un provenant de la mère et un provenant du père), sauf le sperme et les ovules, qui n'en contiennent qu'un seul. Les cellules des globules rouges, qui constituent une exception, ne contiennent pas d'ADN nucléaire. En plus de cet ADN nucléaire, il existe dans nos cellules des mitochondries (organites cellulaires producteurs d'énergie) qui présentent un ADN spécifique circulaire qui ne contient que 16 569 paires de base. L'ADN mitochondrial est uniquement transmis aux enfants par la mère.

Ainsi, pour établir un profil génétique on peut jouer avec les propriétés de ces deux types d'ADN. En effet, l'étude différentielle des deux types d'ADN pourra nous donner des informations maternelles (par l'étude de l'ADN mitochondrial) ; des informations paternelles (par l'étude du chromosome Y) ; ou des informations sur les deux parents dans le cas des

autosomes puisque chaque enfant possède une copie maternelle et une copie paternelle.

L'ADN présente donc des propriétés inestimables. Chaque individu (chaque génome) est unique et l'ADN reste constant pendant la durée d'une vie. L'ADN peut être récupéré et analysé à partir d'échantillons biologiques minuscules, tels que des taches de sang ou un seul cheveu ; et, par rapport aux protéines, c'est une molécule résiliente, qui se dégrade lentement dans les tissus durs, tels que les os et les dents, ce qui permet de le récupérer sur des tissus anciens lorsque le milieu est propice.

Bien que l'ADN soit un outil puissant il a ses limites. Dans le contexte d'identification basée sur des données génétiques nous ne pouvons réellement avoir une identité que si le profil génétique de la personne défunte est comparé avec au moins un autre profil (celui d'une ou plusieurs personnes issues de la même famille par exemple). Cette comparaison se fait soit directement par lecture des séquences en comparant les variations de composition en nucléotides (sur l'ADN mitochondrial par exemple), soit par l'étude comparative du nombre de répétitions dans le cadre de marqueurs microsatellites<sup>3</sup> (sur le chromosome Y par exemple, notés Y-STR). Les proches biologiques ont en partie le même ADN. Le degré de parenté détermine la part de patrimoine génétique que deux individus auront en commun. Les parents et les enfants partageront la moitié de leur ADN, et un individu aura en moyenne un quart de l'ADN de ses grands-parents et de ses petits-enfants. À moins qu'une analyse de l'ADN mitochondrial ou du chromosome Y soit effectuée, les comparaisons les plus fiables se feront à l'aide d'échantillons prélevés sur les parents ou les enfants des personnes disparues.

Une autre limite importante est la quantité disponible. Plus l'ADN est

dégradé (que ce soit par le temps et les processus taphonomiques<sup>4</sup>, ou dans des cas de combustion, etc...) plus il se casse et plus il est difficile d'en obtenir des informations fiables. Ainsi, plus le temps qui s'est écoulé entre la mort et le processus d'identification est long, moins il y a de chance que les informations (quelles qu'elles soient) survivent et moins il sera possible d'avoir une identification individuelle (dans certains cas il sera alors uniquement possible d'avoir une identification du sexe par les marqueurs génétiques, ou d'avoir une information populationnelle si la quantité d'ADN est suffisante). Il faut donc jouer sur les différents marqueurs génétiques à disposition pour essayer de parer ses limites. Un des avantages des marqueurs microsatellites est que ces motifs répétés sont courts et donc peuvent être présents même sur des petits fragments d'ADN. L'ADN mitochondrial est quant à lui présent en de multiples exemplaires dans la cellule, et donc plus facile à récupérer sur des restes qui ne sont pas bien conservés. Les restes d'une personne peuvent ainsi être comparés avec l'ADN de la mère ou de la grand-mère maternelle, d'un frère ou d'une sœur, de tantes ou d'oncles maternels, voire avec celui de parents encore plus éloignés, pour autant qu'ils appartiennent à la branche maternelle.

Une autre limite à l'étude ADN est que, dans certains cas, les membres de la famille du défunt jusque-là disparus ne sont plus en vie à l'heure où l'étude se fait. Dans d'autres cas, même s'ils sont retrouvés ils ne veulent pas forcément donner de leur ADN pour être comparé à celui du défunt. À ce moment-là, il est impossible d'aller plus loin. Mais il est également possible que le membre de la famille qui accepte de donner de son ADN pour faire une comparaison de profil, ne soit pas « bien placé » dans l'arbre généalogique de la famille et que de ce fait les liens ne soient pas suffisants pour établir l'identité. La figure 2 illustre sur un arbre

généalogique les « donneurs positifs » dont le profil serait informatif dans le cas d'identification du soldat placé au centre.

Figure 2

Le processus d'identification est donc un processus complexe qui nécessite une méthodologie rigoureuse. Au sein de cette méthodologie et dans la boîte à outils des scientifiques, les marqueurs génétiques permettent des résultats qui étaient encore, il y a quelques dizaines d'années, impossible d'espérer. Les avancées technologiques dans le domaine de la biologie moléculaire devraient permettre d'aller encore plus loin et d'affiner la méthodologie d'identification et ce, dans un avenir très proche.

## Exemples d'identifications génétiques en contextes militaires

Pour finir cet article, deux études différentes vont être présentées. Ces études, toutes deux en contexte militaire, mettent en jeu l'utilisation de la génétique dans un but d'identifications de soldats tombés au combat.

### Identification des restes de soldats de la Grande Guerre : bataille de Fromelles

En 2008, Oxford Archaeology (OA) fut mandaté pour effectuer la fouille archéo-anthropologique de sépultures

multiples contemporaines de la Première Guerre mondiale sur la commune de Fromelles, à 16 kms à l'ouest de Lille. Cette opération a été réalisée à la demande de la Commission des sépultures de guerre du Commonwealth au nom des gouvernements australien et britannique. Durant l'été 2009, huit fosses d'inhumations ont été fouillées. Les corps exhumés sont ceux de soldats qui ont péri lors de la seconde bataille de Fromelles<sup>5</sup> qui s'inscrit dans le cadre des premières offensives de la bataille de la Somme<sup>6</sup>, en juillet 1916.

Après étude et prélèvements individuels pour identification, les soldats ont été ré-inhumés de façon individuelle, avec honneurs militaires, à partir du mois de janvier 2010, dans le cimetière commémoratif de la Commonwealth War Graves Commission (CWGC) de Fromelles spécialement aménagé à cet effet. Suite à la fouille des dépouilles et dans le cadre d'une démarche multidisciplinaire, une étude précise des ossements et des objets recueillis sur chaque corps (identification des objets personnels, consultation des archives militaires, recherche ADN) a été effectuée visant à identifier chaque soldat. Les résultats de ce travail ont été rassemblés et analysés parallèlement aux données *ante-mortem* obtenues par la Force de Défense australienne (ADF) et le ministère de la Défense britannique, puis les données ADN ont été examinées par LGC Forensics. Les résultats de ces analyses ont ensuite été présentés au Conseil mixte d'identification, une coopération australo-britannique, qui prend en compte l'ensemble des témoignages recueillis et dont la mission est de valider les identifications individuelles.

La bataille de Fromelles est peu connue en Grande-Bretagne comme en France, mais il s'agit d'un épisode emblématique de l'histoire contemporaine de l'Australie qui reste aujourd'hui encore très présent dans la mémoire collective de cette nation. Cette

prégnance mémorielle s'explique par le fait que cette bataille constitue le premier engagement de l'Australian Imperial Force (AIF) sur le front occidental et car cet épisode constitue les 24 heures les plus sanglantes de l'histoire militaire australienne (Cobb, 2007). Les sources contemporaines attestent qu'immédiatement après la bataille, les défunts se trouvant à proximité ou dans les premières lignes allemandes ont été regroupés, triés par nationalité et enterrés en-arrière des lignes allemandes. En un lieu à l'écart du village, au sud du Bois du Faisan, les Allemands avaient initialement creusé huit fosses (pour des stocks de munitions) qui ont été utilisés partiellement comme fosses communes (Lee, 2010).

Ce n'est qu'à la fin des années 1990 - début des années 2000 qu'une localisation a pu être envisagée, confirmée ultérieurement par une recherche historique puis archéologique. Sur les 1 650 soldats australiens et anglais encore portés disparus, 250 corps de soldats ont été retrouvés dans ces fosses. Cette opération de fouille a été la première tentative à une telle échelle, d'exhumer et d'identifier des soldats de la Grande Guerre depuis le travail fait par les unités de regroupement de sépultures britanniques dans les années 1920.

Des éléments de construction modulaires (de type Algeco©) ont été mis en place sur le site dont le périmètre a été délimité par une barrière opaque, avec surveillance en continu 24 h/24, 7j/7 et avec des protocoles stricts d'entrée et de sortie des personnels et des visiteurs. Ce dispositif était notamment nécessaire pour protéger de toute contamination extérieure l'ADN prélevé sur les corps et a permis un haut degré de sécurité et de confidentialité. Cela a aussi permis de maintenir un environnement de travail idéal et une bonne gestion de l'ensemble de la communication (presse, visiteurs).

L'emprise totale de la fouille est devenue « une zone hautement sécurisée » avec un accès restreint au personnel, et le port par chacun d'une combinaison protectrice, de gants, d'un masque chirurgical, d'une résille pour cheveux et de sur-chaussures. Toutes les personnes présentes sur le site ont fait l'objet d'un prélèvement ADN afin de contrôler la contamination potentielle au moment du prélèvement.

La méthodologie employée à Fromelles pour l'identification des soldats correspond à la méthodologie présentée dans le chapitre précédent avec une approche combinatoire d'éléments permettant l'identification sociale et d'autres permettant d'obtenir l'identification génétique (plus de détails dans Loe et al., 2014).

En ce qui concerne la génétique, des échantillons d'os et de dents ont aussi été sélectionnés, conditionnés en chambre froide puis envoyés à LGC Forensics analyses ADN.

Les gouvernements australiens et britanniques ont sollicité les familles qui avaient un parent disparu lors de la bataille de Fromelles et donc susceptible d'être enterré au Bois du Faisan de se manifester pour des prélèvements d'ADN afin que ceux-ci soient croisés avec ceux collectés sur les individus exhumés. Les réponses ont été très nombreuses, puisque plusieurs milliers de personnes se sont fait connaître, témoignant ici de l'importance de la bataille de Fromelles dans la mémoire collective. De ce fait, nous pouvons mesurer l'ampleur d'une telle étude puisque plusieurs milliers de personnes ont été analysés par la génétique afin de pouvoir comparer leurs profils avec les profils génétiques obtenus à partir des os ou des dents des soldats défunts.

La fouille a duré dix-sept semaines et l'identification a continué plusieurs années. À ce jour, 192 soldats ont été formellement et nominativement

identifiés, 35 corps restent « Known unto God »<sup>7</sup>. Une inauguration officielle du cimetière construit en l'honneur de ces soldats a eu lieu le 20 juillet 2010, pour le 94<sup>e</sup> anniversaire de la bataille.

## Identification des restes d'un pilote allemand de la Seconde Guerre mondiale (île de Riou, Marseille)

Entre 1962 et 1966, un médecin marseillais, le Dr Georges Albert faisant des recherches archéologiques sur l'île de Riou, découvrit une sépulture au lieu-dit La Fontaine des Grecs. Lors du dégagement de la sépulture, le Dr G. Albert observa qu'il s'agissait d'une inhumation primaire, en décubitus dorsal. Il constata également l'absence des os se situant au-dessous du fémur droit. Le Dr. Albert a pris contact avec un anthropologue parisien pour l'étude du squelette. Le squelette fut associé à un homme de 35 ans, d'une stature de 1,77 m., de « race » macédonienne, enseveli depuis une époque difficile à préciser, mais se situant entre les XIII<sup>e</sup> et XVI<sup>e</sup> siècles. L'affaire a donc été « classée » puisque considérée comme un cas archéologique isolé.

La découverte en mai 2000, par Luc Vanrell de deux épaves d'avions qui se sont abîmées à proximité de l'île de Riou : un Messerschmitt Bf 109 et un Lockheed Lightning F-5 B ont permis de rouvrir le dossier d'étude de cette sépulture.

Le 2 décembre 1943, le Prince Alexis fürst zu Bentheim und Steinfurt, pilote de la Luftwaffe appartenant au groupe de chasse Jgr<sup>8</sup> Süd fut abattu aux commandes de son Messerschmitt Bf109 F-4, par un chasseur américain qui protégeait des bombardiers chargés d'effectuer un raid sur Marseille.

Le 31 juillet 1944, le commandant Antoine Marie Jean-Baptiste Roger comte de Saint-Exupéry fut abattu aux commandes de son P-38 Lightning F-5 B 42-68223 au-dessus de la rade de Marseille.

Même si beaucoup d'avions se sont abîmés en rade de Marseille durant la Seconde Guerre mondiale, l'hypothèse que le squelette exhumé par le Dr Albert soit le pilote de l'un des avions retrouvé par L. Vanrell nous a semblé pouvoir être envisagée, du fait même de la proximité de cette inhumation avec les lieux de crashes.

Malgré le faible nombre de restes osseux conservés, nos observations ont permis de nous orienter vers un homme jeune et donc plutôt vers l'identification du Prince Alexis fürst zu Bentheim und Steinfurt que vers Antoine de Saint-Exupéry. À partir de cette hypothèse, le profil génétique en ADN mitochondrial de Christian von Bentheim, frère d'Alexis, a été établi à partir de prélèvements buccaux.

Les résultats en ADN mitochondrial obtenus sur une vertèbre ont été validés à partir de deux extractions indépendantes et sur deux prélèvements indépendants. Cette reproductibilité, indispensable dans le cas de l'analyse de prélèvements anciens et critiques comme celui-ci, confirme la validité du résultat obtenu. Par ailleurs, les profils obtenus sur l'ossement ont été comparés avec ceux des manipulateurs pour confirmer l'absence de contamination génétique. De même, des témoins négatifs ont été réalisés et validés à chaque étape analytique.

Au vu des résultats obtenus, il apparaît que le profil de Christian Von Bentheim et le profil de la vertèbre découverte sur l'île de Riou ne diffèrent que d'une mutation (195C). Compte tenu du lien de parenté présumé entre Christian Von Bentheim et le pilote disparu (frère), un tel résultat ne remet

pas en cause l'identification. En effet, en tenant compte du phénomène d'hétéroplasmie<sup>9</sup>, une différence d'une mutation entre deux individus de la même lignée maternelle ne constitue pas un motif d'exclusion formelle. De plus, il est admis qu'en l'absence de système de réparation de l'ADN au sein des mitochondries, l'ADN mitochondrial d'un individu accumule des mutations au fil des années (Corral-Debrinski et al. 1992). Ainsi, compte tenu de l'importante différence d'âge entre les deux individus lors des prélèvements (plus de 60 ans), un tel phénomène ne peut être exclu comme étant à l'origine de cette différence.

Les restes du Prince Alexis fürst zu Bentheim und Steinfurt ont été ré-inhumés dans le caveau familial par son frère Christian.

## Conclusion

Comme nous venons de l'illustrer au travers de ces chapitres, il est des cas où l'identification des corps est difficile et nécessite l'utilisation de techniques moléculaires. C'est notamment le cas après un conflit armé. Il devient alors nécessaire de lancer un programme d'identification basé sur l'ADN. L'ampleur de ces programmes peut varier, de l'incident local ne touchant que quelques personnes, aux programmes visant à identifier des dizaines de milliers d'individus. Il est cependant important de noter que ces programmes d'identification de grande ampleur mis en œuvre après un conflit ou d'autres situations de violence durent généralement plusieurs années ; et il est probable que toutes les personnes ne soient pas identifiées.

Comme nous l'avons vu, l'utilisation de l'outil génétique a permis à la recherche d'identification de faire un grand pas en avant. Cependant, il existe encore aujourd'hui des biais. Certains peuvent être limités, d'autres non. Il est de ce fait impératif de les connaître

avant de poser le diagnostic d'identité. Les avancées technologiques qui révolutionnent aujourd'hui le monde de la génomique toucheront demain le monde de l'identification. Nous pouvons donc nous attendre à obtenir d'ici peu de meilleurs résultats grâce à une meilleure utilisation de cet outil. Cependant, il est un autre point important à soulever en conclusion de cet article. Tout prélèvement d'échantillons d'ADN, que ce soit pour fins d'analyses ou de dépôt dans les banques de données génétiques, est encadré par les lois et la jurisprudence, de façon à limiter les atteintes aux droits de la personne et les problématiques éthiques que leur recueil et leur utilisation peuvent susciter (cf. Déclaration internationale sur les données génétiques humaines UNESCO, 2003). De ce fait, il existe aujourd'hui un cadre légal, moral et éthique, que tout un chacun se doit de connaître et d'appliquer.

## Références Bibliographiques

- K.G. Anderson, 2006 Evidence from worldwide non-paternity rates, *Current Anthropology* 47 (3), 513-520.
- C. Barker, M. Cox, A. Flavel, L. Loe, 2008 Mortuary procedures II. Skeletal analysis I: basic procedures and demographic assessment, in Cox et al. 2008, 295-382
- CICR, 2009. Missing People, DNA Analysis and Identification of Human Remains: A Guide to Best Practice in Armed Conflicts and Other Situations of Armed Violence - ref. 4010-ebook.
- P. Cobb, 2007 Fromelles 1916, Published by Tempus Publishing Ltd.
- M. Corral-Debrinski, T. Horton, M. T. Lott, J. M. Shoffner, M. Flint Beal, D. C. Wallace, 1992 - Mitochondrial DNA deletions in human brain: regional

variability and increase with advanced age, *Nature Genetics* 2, 324-329.

M. Cox, 2010 The scientific overview and ID, in *Summers* 2010, 57-61

M. Gilding, 2005 Rampant misattributed paternity: the creation of an urban myth, *People and Place* 13 (2), 1-11

R. Lee, 2010 The Battle of Fromelles 1916, Published by Army History Unit, Canberra.

L. Loe, C. Barker, K. Brady, M. Cox, H. Webb, 2014 Remember Me to All : The archaeological recovery and identification of soldiers who fought and died in the battle of Fromelles 1916, *Oxford Archaeology Monograph*, n° 23, 134.

L.S. Parker, 2008 The future of incidental findings: should they be viewed as benefits?, *Journal of Law, Medicine and Ethics* 36 (2), 341-351.

L.S. Parker, A.J. London, J.D. Aronson, 2013 Incidental findings in the use of DNA to identify human remains: an ethical assessment, *Forensic Science International: Genetics* 7, 221-9.

T. Thompson, S. Black, 2007 *Forensic Human Identification: An Introduction*, British Association for Human Identification, CRC Press, Boca Raton.

UNESCO, Déclaration internationale sur les données génétiques humaines, 2003. Disponible sur : [http://portal.unesco.org/fr/ev.php-URL\\_ID=17720&URL\\_DO=DO\\_TOPI C&URL\\_SECTION=201.html](http://portal.unesco.org/fr/ev.php-URL_ID=17720&URL_DO=DO_TOPI C&URL_SECTION=201.html).

S.M. Wolf, F.P. Lawrenz, C.A. Nelson, J.P. Kahn, M.K. Cho, E. Wright Clayton, J.G. Fletcher, M.K. Georgieff, D. Hammerschmidt, K. Hudon, J. Illes, V. Kapur, M.A. Keane, B.A. Koenig, B.S. Leroy, E.G. MacFarland, J. Paradise, L.S. Parker, S.F. Terry, B. Van, 2008 Managing incidental

findings in human subjects research: analysis and recommendations, *Journal of Law, Medicine and Ethics* 36 (2), 219-248.

---

<sup>1</sup> Tout élément, objet, qui n'est pas biologique et qui est retrouvé avec le défunt.

<sup>2</sup> Approche populationnelle (parfois mentionnée comme « Ancestry ») repose sur le fait qu'il est possible génétiquement de définir la population biogéographique à laquelle appartient l'individu grâce à son héritage génétique (Barker et al. 2008).

<sup>3</sup> Les marqueurs microsatellites (en anglais, short tandem repeats –STR). Ce sont des portions de génome qui contiennent des répétitions de motifs (exemple le motif CA répété 10 fois). Dans le cadre de l'identification de personnes, les laboratoires accrédités analysent entre quinze et vingt motifs (répartis sur le génome nucléaire). Leur analyse permet une identification (avec un haut niveau de fiabilité) et est utilisée notamment dans l'étude des liens de parentés.

<sup>4</sup> Processus taphonomique : processus ou chaîne d'événements qui commence juste avant la mort d'un organisme et qui se poursuit par décomposition, désarticulation, enfouissement, fossilisation, exposition et collecte. À chaque étape de ce processus, divers organismes taphonomiques interviennent pour obscurcir, biaiser et compléter l'information disponible dans la collection qui en résulte.

<sup>5</sup> La seconde bataille de Fromelles eut lieu en juillet 1916, la 5<sup>e</sup> division australienne et 61<sup>e</sup> division britannique avait pour mission de prendre des positions allemandes puissamment défendues par une division bavaroise, comme le saillant de « Sugar Loaf » (Pain de Sucre).

<sup>6</sup> La bataille de la Somme (1<sup>er</sup> juillet-18 novembre 1916) avait pour but d'ouvrir un second front afin de soulager les troupes françaises défendant Verdun.

<sup>7</sup> Seulement connu de Dieu.

<sup>8</sup> Jgr est l'abréviation de l'expression allemande Jagd-Geswader, c'est-à-dire escadrille de chasse.

<sup>9</sup> L'hétéroplasmie correspond à la présence dans une cellule ou un tissu de deux types de génomes mitochondriaux différents par des mutations ou du polymorphisme génique.