

Les affirmations voulant que l'analyse phylogénétique puisse prouver la direction d'une transmission du VIH ne sont pas fondées, selon des experts.

Edwin J. Bernard

Aidsmap News, 24 novembre 2010

<http://www.aidsmap.com/news/Claims-that-phylogenetic-analysis-can-prove-direction-of-transmission-are-unfounded-say-experts/page/1556716/>

Un rapport publié aux États-Unis dans les *Proceedings of the National Academy of Sciences*, la semaine dernière, prétend constituer la première démonstration que la direction de la transmission du VIH d'une personne à une autre, à titre de preuve dans le cadre d'un procès criminel, peut être établie de manière fiable par une analyse phylogénétique. Cependant, des experts internationaux en phylogénétique, qui ont été conseillers en matière d'investigation scientifique auprès de cours pénales, ont affirmé à **aidsmap.com** que le rapport « tire des conclusions injustifiées ».

Le rapport, coécrit par Michael Metzker, professeur agrégé au Baylor College de Medicine Human Genome Sequencing Center, et par David Hillis, professeur de biologie évolutionnaire à l'University of Texas, décrit en détail la méthodologie de l'analyse phylogénétique utilisée dans deux affaires pénales concernant des cas de transmission du VIH, aux États-Unis : l'une dans l'État de Washington en 2004, l'autre au Texas en 2009.

Il s'agissait de la deuxième et de la troisième utilisations de l'analyse phylogénétique à titre de preuve dans des poursuites criminelles aux États-Unis, alors qu'il y a eu au moins 350 déclarations de culpabilité en vertu de lois spécifiques au VIH ou de lois pénales générales, pour la non-divulgation de la séropositivité, l'exposition ou la transmission alléguée, depuis l'apparition de telles poursuites au milieu des années 1980 (CHLP, 2010). Fait important à noter, ces deux affaires concernaient des allégations de transmissions hétérosexuelles multiples par une source unique. De telles allégations sont extrêmement rares.

L'analyse phylogénétique nécessite le recours à des outils computationnels complexes, afin de créer un diagramme hypothétique (appelé « arbre phylogénétique ») qui sert à estimer dans quelle mesure il y a possibilité de parenté entre les spécimens de VIH prélevés d'un ou plusieurs plaignants et de l'accusé, *en comparaison avec d'autres spécimens*.

Le rapport fait référence à quelques études récentes (dont une de 2008,¹ de Keele et coll.) qui donne à croire aux auteurs qu'un « goulot d'étranglement considérable » se produit, lors de la transmission du VIH, et qu'au moins les trois quarts des infections peuvent résulter d'un même virus. Il signale également qu'étant donné que le VIH évolue rapidement à la suite de l'infection initiale, ceci entraîne une « diversité accrue dans les séquences du VIH, chez un individu nouvellement infecté ».

Cependant, le rapport avance que si les échantillons sanguins sont prélevés chez l'accusé et le(s) plaignant(s) « peu après l'événement de transmission », la population des séquences virales présentes chez un individu serait supposée être plus étroitement apparentée à la population chez les autres que dans le cas des autres populations de séquences virales utilisées aux fins de comparaison. Cela est appelé "relation paraphilétique" ». On avance ensuite que « la paraphilie fournit un élément de base pour établir la direction de la transmission et, dans une affaire criminelle, pourrait servir à identifier le cas index (c.-à-d. la personne source). »

Dans les deux affaires en question, les investigateurs ont été tenus dans l'insu, quant à l'identité de l'accusé et à celle des plaignants (éléments qui n'ont été dévoilés en cour qu'après le dépôt de leur rapport d'analyse au procureur). Dans les deux cas, l'échantillon qu'ils avaient identifié comme étant la source de l'infection était bel et bien celui de l'accusé. On ne sait pas quel poids a été accordé par le juge et les jurés aux rapports phylogénétiques, mais on sait que les procureurs ont déposé une manne de preuves à l'appui – y compris, dans l'affaire texane, un rapport de recherche des contacts et des résultats de test du VIH de la plupart des partenaires sexuels qu'avaient eus les plaignants² – et que c'est le volume total des preuves qui a conduit aux verdicts et à de longues peines, dans les deux cas.

Le document et les affirmations qu'il renferme ont été largement disséminés par voie de communiqué³ ainsi que dans plusieurs articles qui s'adressent principalement à la communauté scientifique. Ces articles incluent des citations des investigateurs, qui suggèrent que leurs méthodes sont d'une fiabilité incontestable et que les verdicts de culpabilité ont découlé uniquement de cette preuve. « Il s'agit de la première étude de cas à avoir établi la direction de la transmission », affirmait le prof. Metzker dans un article de l'AFP⁴ intitulé « Lab detectives use science to nab HIV criminals » [Des détectives en labo utilisent la science pour épingler des criminels du VIH].

Le prof. Metzker a affirmé à l'*American Statesman*⁵ : « [Notre analyse] a fourni la preuve scientifique fiable quant à la direction de la transmission, et de là nous avons pu identifier la source ». Dans ce même article, on cite également le procureur principal dans l'affaire texane, qui qualifie l'analyse phylogénétique de « bonne preuve ». Fait à signaler, l'avocat de la défense, dans l'affaire, est cité comme ayant dit qu'il n'a pas réussi à dénicher un expert pour témoigner en cour à l'encontre de la fiabilité des conclusions de Hillis et Metzker. « Cela a fait une grande différence dans le traitement de cette affaire en cour, puisque nous ne sommes pas parvenus à trouver un expert pour nous appuyer », a-t-il affirmé.

Cependant, les déclarations du prof. Metzker et les affirmations contenues dans le document, voulant que lui et ses collègues aient établi que leur méthode est un moyen nouveau et fiable pour prouver la direction de la transmission, ont été mises en doute par plusieurs experts internationaux avec lesquels a communiqué **aidsmap.com**. Tous ces experts ont déjà témoigné dans le cadre de procès criminels hors des États-Unis.

Ces commentateurs s'entendent tous sur le point que l'analyse phylogénétique est un moyen éclairé, mais parfois imparfait, d'estimer la parenté entre souches virales. Ils ont affirmé que, bien qu'il existe diverses méthodes permettant d'augmenter le degré de confiance à l'effet que des échantillons sont très apparentés (comparativement à d'autres), on ne pourrait jamais être complètement confiant qu'un accusé est bel et bien la source de l'infection du/des plaignant(s) en ne recourant qu'à l'analyse phylogénétique.

La prof. Anne-Mieke Vandamme, de l'Université catholique de Louvain et de l'Institut Rega, (Belgique), a fait état d'importants doutes quant aux allégations du document. « Ce document tire des conclusions non fondées », a-t-elle déclaré à **aidsmap.com**. « Il existe encore la possibilité d'un chaînon manquant – une transmission consécutive par un intermédiaire manquant. Je n'utiliserais une telle approche de rapprochement paraphilétique qu'aux fins d'*exclure* une direction de transmission. L'élimination de tous les contacts possibles est une tâche qui doit être faite en marge de l'analyse phylogénétique. »

Jan Albert, professeur au Karolinska Institute et au Karolinska University Hospital, en Suède, a déclaré à **aidsmap.com** : « L'étude laisse entendre mais ne prouve pas qu'il y a eu transmission entre les personnes examinées. La principale raison de l'absence de certitude réside dans le fait que les analyses n'excluent pas l'existence d'autres personnes, dont on n'aurait pas d'échantillon mais qui feraient partie des mêmes réseaux. La paraphilie n'exclut pas une telle possibilité. À la lumière de ce fait, il est étonnant que l'on n'ait investigué localement que 20 contrôles, dans l'affaire de l'État de Washington, et aucun dans l'affaire texane. »

Thomas Leitner, un scientifique du Los Alamos National Laboratory, aux États-Unis, a expliqué à **aidsmap.com** que la méthodologie décrite dans le document, pour la vérification de l'hypothèse de la direction de transmission, n'est pas nouvelle, en fait, et qu'il a lui-même cosigné avec Walter Fitch un document décrivant une méthode semblable, publié il y a onze ans (Leitner T, Fitch WM. 1999). Il ajoute que, d'après ses recherches, même lorsque l'on procède à l'analyse de prélèvements de toutes les personnes en cause dans une transmission alléguée, il peut arriver que les deux échantillons semblant les plus apparentés dans l'arbre phylogénétique correspondent à deux individus qui ne se sont même jamais rencontrés.

La prof. Vandamme est elle aussi coauteure, notamment avec le prof. Albert et la D^{re} Anna Maria Geretti, du University College London Medical School, Royal Free Hospital, de Londres, d'un article pertinent qui paraîtra dans *The Lancet Infectious Diseases*; l'article en question met en relief le risque considérable d'erreur judiciaire découlant d'une vision lacunaire d'éléments scientifiques concernant l'analyse phylogénétique. On y conclut, dans le même sens qu'un document de breffage coécrit par la prof. Vandamme et la D^{re} Geretti, et publié en 2007 par le NAM et le NAT,⁶ que la seule utilisation

fiable d'une analyse phylogénétique dans le cadre de poursuites criminelles pour transmission du VIH concerne l'exonération de l'accusé.

Une discussion plus complète des manières par lesquelles l'analyse phylogénétique et d'autres preuves peuvent – et ne peuvent pas – servir à établir la preuve de transmission du VIH de l'accusé au(x) plaignant(s), dans une affaire criminelle, est accessible dans le chapitre intitulé « Proof »⁷, de la nouvelle ressource internationale du NAM, *HIV and the criminal law*.⁸

Références

Scaduto DI et coll. *Source identification in two criminal cases using phylogenetic analysis of HIV-1 DNA sequences*. Compte-rendu de la National Academy of Sciences, publié en ligne avant impression, 15 novembre 2010, doi: 10.1073/pnas.1015673107, 2010. Abrégé accessible à <http://www.pnas.org/content/early/2010/11/12/1015673107.abstract>.

Abecasis AB et coll. « Science in court: the myth of HIV 'fingerprinting' ». *Lancet Infectious Diseases*, 2010 (sous presse).

Center for HIV Law and Policy (CHLP). *Ending and Defending Against HIV Criminalization: State and Federal Laws and Prosecutions, Vol. 1*, CHLP's Positive Justice Project, 1^{er} édition, automne 2010. Accessible à <http://www.hivlawandpolicy.org/resources/view/564>.

Leitner T, Fitch WM. « The phylogenetics of known transmission histories », dans K. A. Crandall. *Molecular Evolution of HIV*. Johns Hopkins, Baltimore, MD 1999, p. 315-345.

¹ <http://www.aidsmap.com/news/Single-virus-often-responsible-for-HIV-infection-suggesting-high-barrier-to-infection/page/1430470/>

² <http://www.tdcaa.com/node/4922>

³ <http://www.bcm.edu/news/item.cfm?newsID=3042>

⁴ http://news.yahoo.com/s/afp/20101115/ts_alt_afp/healthussciencecrimeaids_20101115214010?utm_source=twitterfeed&utm_medium=twitter

⁵ http://www.statesman.com/news/local/study-details-technique-that-helps-seal-convictions-for-1050301.html?srcTrk=RTR_729919

⁶ <http://www.aidsmap.com/news/Scientific-evidence-alone-cannot-prove-liability-in-criminal-HIV-transmission-cases/page/1426416/>

⁷ <http://www.aidsmap.com/resources/law/Proving-a-cause-effect-relationship-between-the-defendant-s-behaviour-and-the-alleged-outcome/page/1444124/>

⁸ <http://www.aidsmap.com/law/>