

Analyse de l'ADN par électrophorèse

Pour déterminer à qui appartient l'ADN, il faut comparer :

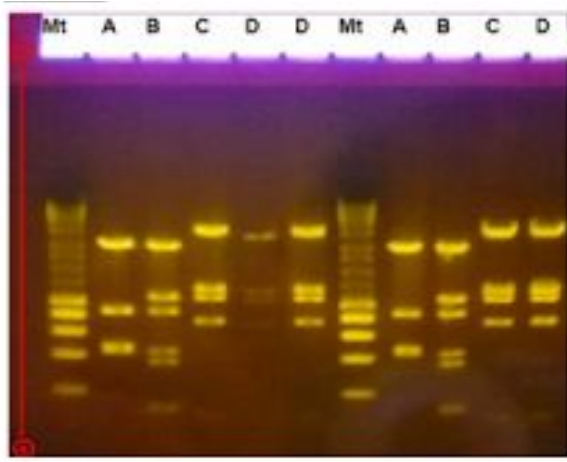
- le nombre de bandes obtenues entre l'ADN de référence et les échantillons d'ADN trouvés.
- la hauteur de migration des bandes obtenues entre l'ADN de référence et les échantillons d'ADN trouvés.

Exemple de résultats d'électrophorèse

1. Individu de référence
2. Individu A
3. Individu B
4. Individu C



Cas 1 :



Les échantillons d'ADN (A, B et C) sont des ADN de suspects (A, B, et C) et que l'ADN (D) est l'ADN de référence. Sur l'image chaque puits est identifié par une lettre (A, B, C, D ou Mt) correspondant aux échantillons d'ADN utilisés dans l'expérience. On peut remarquer que les dépôts des différents échantillons ont été répétés plusieurs fois sur le gel ; ce qui permet de confirmer les résultats observés et de vérifier leurs répétabilité. La première piste comportant l'échantillon (D) (puits n°5) présente des bandes d'ADN de luminosité moins intense, ceci est dû à une dilution de l'échantillon. En revanche le profil génétique reste le même.

1. Déterminer quel échantillon d'ADN (A, B ou C) correspond à l'ADN de référence. Justifier votre réponse.
2. Déterminer quel individu (A, B ou C) est coupable.

Cas 2 :



1. Déterminer quel échantillon d'ADN (A, B ou C) correspond à l'ADN de référence. Justifier votre réponse.
2. Déterminer quel individu (A, B ou C) se trouvait à bord de l'avion.

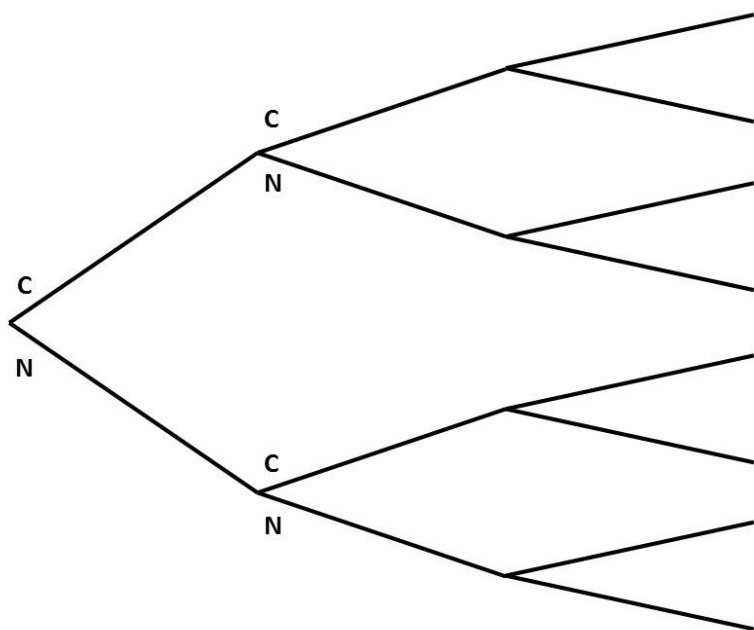
Fiabilité d'un test ADN

Nous savons donc que l'empreinte génétique est une technique pour identifier les individus. A certain de l'emplacement de leur ADN (les loci), on remarque des répétitions de motifs. Et la longueur de la répétition définit un allèle pour ce locus. Des loci ont été choisi pour faire les test ADN (16 en France), ainsi pour chaque individu, on recherche deux allèles présentes sur chaque locus.

Certains tests sont moins précis, ainsi le test *Quad STR* analyse seulement quatre marqueurs génétiques. La fréquence moyenne des profils génétiques possibles dans ce système est de 1/10000 (0,01%). Cette fréquence paraît faible, et pourtant ...

Indiquer la fréquence de profils génétiques non compatibles :

Les différents possibilités pour deux, puis trois individus sont données par l'arbre ci-dessous. **C** : profil compatible et **N** : profil non compatible. Compléter l'arbre jusqu'au troisième individu. Indiquer les fréquences sur chaque branche.



Indiquer la(les) possibilité(s) pour les trois individus aient tous un profil non compatible. Donnez le calcul de fréquence correspondante.

En déduire le calcul de la fréquence de 1000 individus de profil non compatible.

Application : un meurtre a été commis dans un lieu public. Des prélèvements ADN sont effectués sur le cadavre. Un individu est arrêté avec un profil compatible. On estime que 1000 personnes ont pu accéder à la scène du crime. Calculer la probabilité qu'il soient tous de profil génétique non compatible. En déduire la probabilité qu'une autre personne que celle arrêtée soit responsable du crime.