



**Empreintes génétiques: de l'échantillon prélevé au profil génétique obtenu**

ANDROGE Caroline, BOSTAN Alionka, DELACROIX Audrey et STEUVE Séverine

**Extraction de l'ADN**

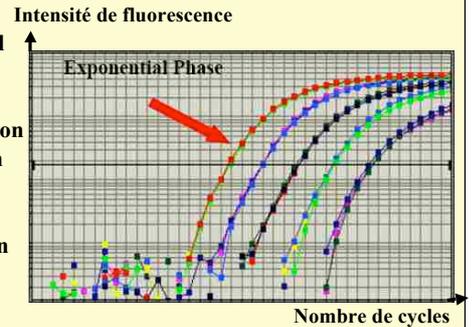
L'ADN doit être extrait des prélèvements récoltés. On récolte l'ADN à partir d'échantillons de sang, de sperme. Les cellules sont lysées afin de libérer l'ADN de celles-ci.

Ensuite, on élimine les protéines et les débris cellulaires du mélange et l'ADN est purifié. Une quantité de 1 à 2 ng d'ADN par échantillon suffisent afin d'effectuer une analyse génétique.



**Quantification de l'ADN récolté**

La PCR en temps réel permet d'évaluer la quantité d'ADN contenue dans l'échantillon de départ en fonction de la quantité de fluorescence qui est émise après un certain nombre de cycles.



**Polymorphisme et microsatellites**

La séquence complète de l'ADN d'une personne est composée de plus de trois milliards de nucléotides. Toutes les cellules expriment une partie de l'ADN dont elles ont besoin mais une immense fraction de cet ADN, au moins 95%, n'a pas de fonction connue : on l'appelle ADN non codant. Les chercheurs ont repéré parmi cet ADN des courts fragments qui ont la particularité de posséder la même suite de bases et de se répéter à différents endroits du génome; ces petits bouts d'ADN portent le nom de microsatellites. Le nombre de répétitions des microsatellites varie d'un individu à l'autre, ce qui explique leur appellation de régions polymorphiques d'ADN. En effet, la probabilité que deux personnes sans liens

familiaux aient un microsatellite possédant le même nombre de répétitions est d'environ 1 sur 10 milliards. Lorsque plusieurs microsatellites sont analysés en même temps, la probabilité diminue encore et est théoriquement de zéro. Auparavant, les microsatellites étaient analysés, entre autres, par la méthode RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), basée sur la coupure de l'ADN par des enzymes de restriction. Cette méthode est aujourd'hui remplacée par une amplification par PCR ciblant certaines régions polymorphiques de l'ADN. Après électrophorèse des fragments amplifiés, la taille de ceux-ci étant représentative du nombre de répétitions, on peut identifier l'individu auquel appartient l'échantillon d'ADN.

**Profil obtenu dans une affaire de viol**

Voici le résultat d'une analyse par RFLP d'une région polymorphique de l'ADN. L'analyse a été effectuée à partir d'un échantillon de sperme prélevé sur la victime.

Piste 1 et 6: marqueurs de poids moléculaire (référence afin d'évaluer la taille des fragments amplifiés)

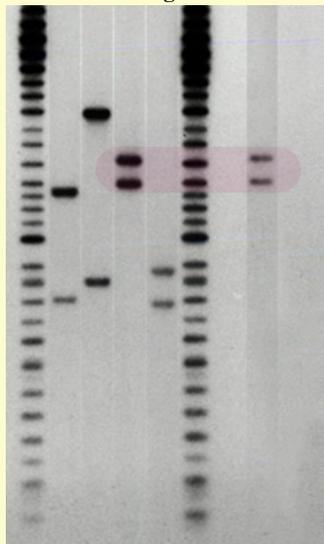
Piste 2: profil de l'ADN du technicien, afin de vérifier qu'il n'y a pas eu de contamination lors de la manipulation

Piste 3: profil de l'ADN de la victime

Piste 4 et 5: profil des 2 suspects

Piste 7: profil de l'ADN contenu dans le prélèvement de sperme

→Le profil de la piste 7 correspondant à celui de la piste 4, cette piste correspond à celle du coupable.



**Résultat d'un test de paternité**

Voici un exemple de résultat que l'on obtient lors d'une analyse par PCR dans le cadre d'une recherche de paternité.



La migration des produits de PCR lors de l'électrophorèse est analysée par un programme informatique.

La comparaison entre la taille des fragments amplifiés chez la mère, l'enfant, et les 2 pères potentiels, permet d'établir lequel est le père biologique de l'enfant. C'est le père n°2.