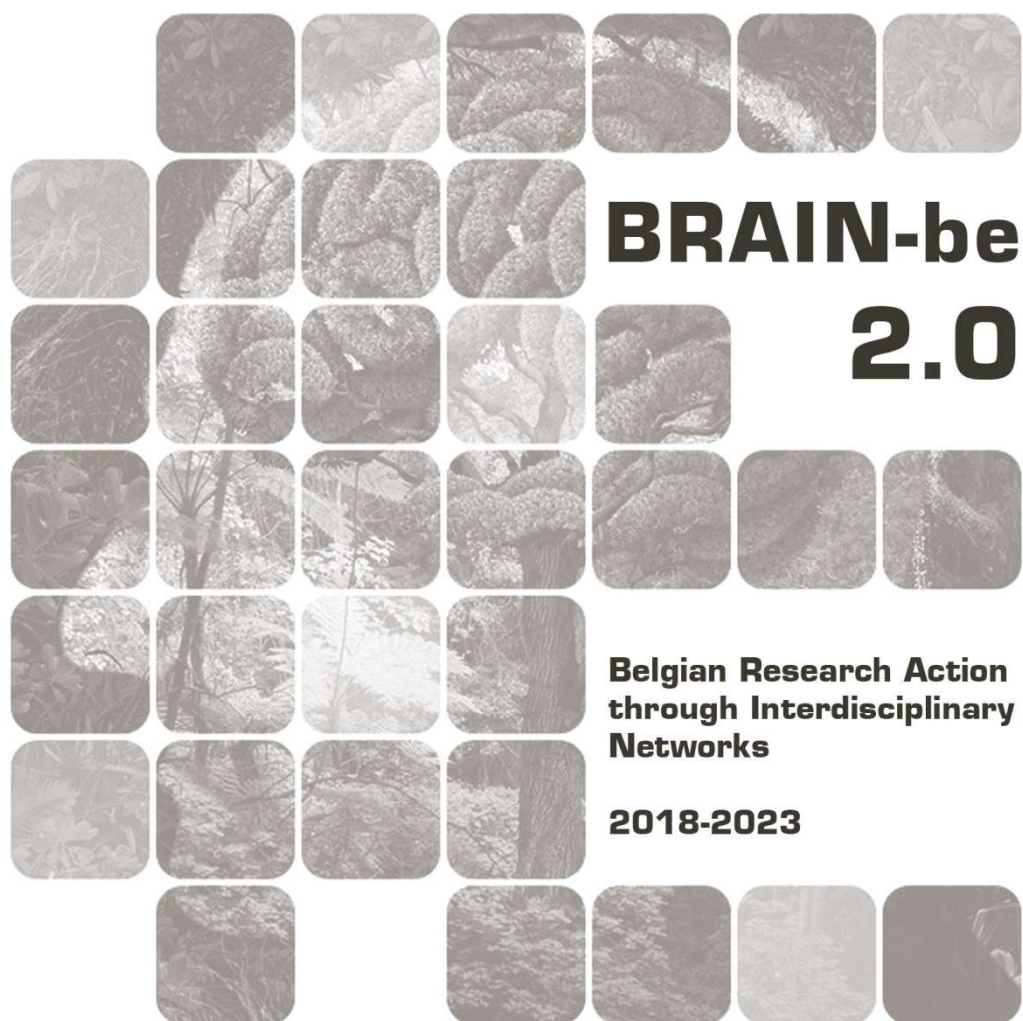
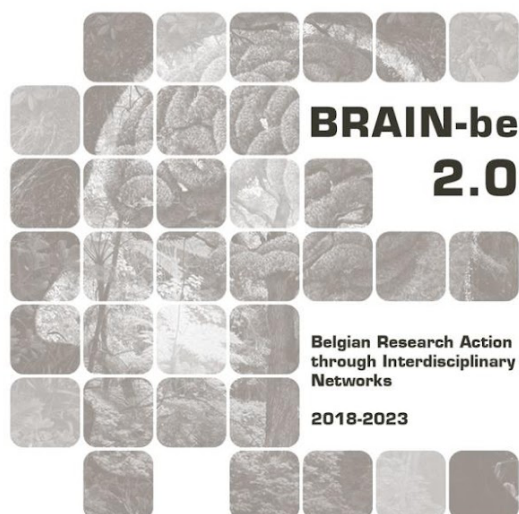




[For2-BioB]

**[Management and development of forensic
biobanks at operational and policy levels in
Belgium]**

Margaux Coquet (NICC), Tine Dorné (NICC), Marie Morandini (UCLouvain),
Florence Rousseau (UCLouvain), Séverine Steuve (NICC), Jean-Marc Hausman
(UCLouvain), Bertrand Renard (NICC)



NETWORK PROJECT

[For2-BioB] [Management and development of forensic biobanks at operational and policy levels in Belgium] **Contract - B2/233/P2/For2-BioB**

FINAL REPORT

PROMOTORS: Bertrand RENARD (NICC) - Coordinator
Séverine STEUVE (NICC)
Jean-Marc HAUSMAN (UCLouvain)

AUTHORS: Margaux COQUET (NICC)
Tine DORNÉ (NICC)
Florence ROUSSEAU (UCLouvain)
Sarah HUGUES (UCLouvain)
Marie MORANDINI (UCLouvain)





Published in 2026 by the Belgian Science Policy Office

WTCIII

Simon Bolivarlaan 30 bus 7

Boulevard Simon Bolivar 30 bte 7

B-1000 Brussels

Belgium

Tel: +32 (0)2 238 34 11

<http://www.belspo.be>

<http://www.belspo.be/brain-be>

Contact person: Georges JAMART

Tel: +32 (0)2 238 36 90

Neither the Belgian Science Policy Office nor any person acting on behalf of the Belgian Science Policy Office is responsible for the use which might be made of the following information. The authors are responsible for the content.

No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording, or otherwise, without indicating the reference:

Coquet M., Dorné T., Rousseau F., Hugues S., Morandini M., Steuve S., Hausman J.-M., Renard B., ***Management and development of forensic biobanks at operational and policy levels in Belgium***. Final Report. Brussels: Belgian Science Policy Office 2026 – 422 p. (BRAIN-be 2.0 - (Belgian Research Action through Interdisciplinary Networks)).

TABLE OF CONTENTS

ABSTRACT	9
1. INTRODUCTION	11
2. STATE OF THE ART AND OBJECTIVES	14
2.1. General overview of the objectives: Pillars 1 & 2	14
2.2. Pillar 1: DNA database as a scientific and technical device for comparing genetic profiles.....	14
2.2.1. Work package 1: Influence of the criteria for the partial DNA profiles inclusion in the Belgian DNA Databases on their efficiency	15
2.2.1.1. State of the art	15
2.2.1.2. Objectives	16
2.2.2. Work package 2: Influence of the comparison criteria of two genetic profiles on the efficiency of the DNA Databases	17
2.2.2.1. State of the art	17
2.2.2.2. Objectives	18
2.2.3. Work package 3: Choice of the reference population (allelic frequencies) to use in order to interpret a match between two genetic profiles	19
2.2.3.1. State of the art	19
2.2.3.2. Objectives	21
2.3. Pillar 2: Exploring the practices of all actors involved in the use of DNA databases.	21
2.3.1 Work package 4: Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA Databases	22
2.3.1.1 State of the art	22
2.3.1.2. Objectives	22
2.3.2. Work Package 5: Identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases	24
2.3.2.1. State of the Art	24
2.3.2.2. Objectives	26
3. METHODOLOGY	27
3.1. Work packages 1 and 2: Influence of the criteria for the partial DNA profiles inclusion in the Belgian DNA Databases on their efficiency / Influence of the comparison criteria of two genetic profiles on the efficiency of the DNA Databases	27
3.1.1. Retrospective study	27
3.1.2. Creation of a simulated national DNA database	28
3.1.3. In-house generated DNA profiles	29
3.1.3.1. Generating Full DNA profiles	30
3.1.3.2. Collecting dropout data for degradation	30
3.1.3.3. Number of profiles to generate	31
3.1.3.4. Creating Partial Profiles	32
3.1.4. Statistical Calculations	34
3.1.4.1. Random Match Probability	34
3.1.4.2. Likelihood Ratio	35
3.2. Work package 3: Choice of the reference population (allelic frequencies) to use in order to interpret a match between two genetic profiles	36
3.3. Work package 4: Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA Databases	46
3.3.1. Overview of the research design	46
3.3.2. Operational Sequence No. 1 – Legal analysis of « legal invariants »	46
3.3.3. Operational Sequence No. 2 – Legal analysis of applicable rules in the Belgian legal system	47
3.3.3.1. Positive-law analysis	47
3.3.3.2. Interviews	47

3.3.3.3. Deliverables related to the reform of the DNA Law	48
3.3.4. Operational Sequence No. 3 – Comparative law analysis	48
3.3.5. Operational Sequence No. 4 – Realization of conjecturable scenarios	49
3.3.5.1. Visual support	50
3.3.5.2. The scenarios synthesis	51
3.3.5.2.1. Methodological framework	51
3.3.5.2.2. General logic and methodological positioning	51
3.3.5.2.3. Structure of the synthesis	51
3.3.5.2.4. Function of the scenario synthesis	52
3.4. Work Package 5: Identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases	53
3.4.1. Normative analysis and formal mapping of the Belgian's actors tasks and relationships	53
3.4.2. Empirical analysis of practices and reconfiguration of power relations	54
3.4.2.1. The strategic actor: analytical framework, key concepts, and relevance to research	54
3.4.2.1.1. The analytical framework	54
3.4.2.1.2. Limitations and usefulness of the analytical framework for analyzing practices related to forensic DNA	55
3.4.2.1.3. Research questions	56
3.4.2.2. Empirical data collection	57
3.4.2.2.1. Semi-structured interviews	57
3.4.2.2.1.1. Interview grid and initial contact	57
3.4.2.2.1.2. Sampling	57
3.4.2.2.2. Group analysis	59
3.4.2.2.2.1. Method and instructions	59
3.4.2.2.2.2. Sampling	60
3.4.2.2.2.3. Data analysis	61
3.4.3. Prospective scenarios and recommendations	63
4. SCIENTIFIC RESULTS AND RECOMMENDATIONS	64
4.1 Work package 1 and 2: Influence of the criteria for the partial DNA profiles inclusion in the Belgian DNA Databases on their efficiency / Influence of the comparison criteria of two genetic profiles on the efficiency of the DNA Databases	64
4.1.1 Results Retrospective Study	64
4.1.2. Statistical Calculations	67
4.1.2.1. Random Match Probability	67
4.1.2.2. Likelihood Ratio	69
4.1.2.3. Combined evaluation RMP and LR	70
4.1.2.3.1. Phase 1	71
4.1.2.3.2. Phase 2	72
4.1.2.3.3. Phase 3	74
4.1.2.3.4. Phase 4	75
4.1.3. Overall Conclusion of Statistical Analyses and Criteria Evaluation	77
4.2. Work package 3: Choice of the reference population (allelic frequencies) to use in order to interpret a match between two genetic profiles	77
4.2.1. Comparison allele frequency populations (BE-CODIS, BE 2012 and STRidER)	77
4.2.2. NICC INCC Frequency Calculator	81
4.2.3. Rare Allele Finder	82
4.2.4. Overall conclusion allelic frequency analysis	82
4.2.5. Future perspectives	83
4.3. Work package 4: Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA Databases	83
4.3.1. Results of Task 4.1 – Analysis of International Law	83

4.3.1.1. Note on international legal invariants (document 4.1.1/1 - extract reproduced in annex; full document available upon request)	84
4.3.1.2. Note on the invariants of the “Prüm” framework (document 4.1.1/2 - extract reproduced in annex; full document available upon request)	84
4.3.1.3. Synthesis report on tasks relating to international legal analysis (document 4.1.1/3)	85
4.3.1.4. Key findings from Task 4.1	85
4.3.2.4.1 European case law plays a decisive role in defining the scope of legislative discretion	85
4.3.2.4.2 The “Prüm” framework sets binding limits for all Member States	85
4.2.3.4.3 These legal invariants are essential to the subsequent phases of WP4	85
4.3.2. Results of Task 4.2 - Analysis of the law applicable within the Belgian legal order	86
4.3.2.1. The evolution of Belgian law: from the 1999 law to the 2024 reform	86
4.3.2.2. Thematic notes on emerging practices (pre- 2024)	87
4.3.2.3. Interviews	87
4.3.2.4. Conclusion	88
4.3.3. Results of Task 4.3 - Comparative- law analysis	88
4.3.4. Results of task 4.4 - Realization of conjecturable scenarios	89
4.3.4.1. The Scenario Synthesis (document 4.4.2/1)	90
4.3.4.1.1. DNA exploitation techniques	90
4.3.4.1.2. Legal invariants	90
4.3.4.1.3. Regulatory options	91
4.3.4.1.4. Vector axes of evaluation	91
4.3.4.1.5. Contributions of the Scenario Synthesis to WP4	91
4.3.4.1.6. Difficulties and limitations	92
4.3.4.2. The Visual Support (document 4.4.2/2)	92
4.3.4.2.1. A recurrent structure by technique	93
4.3.4.2.2. Highlighting legislative choices and their consequences	93
4.3.4.2.3. Belgium’s positioning as a comparative reference point	93
4.3.4.2.4. A tool for discussion and mediation	94
4.4. WP5: Identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases.....	94
4.4.1. Normative analysis and formal mapping of the Belgian’s actors tasks and relationship :	
Key findings	94
4.4.1.1. (1) First responders	94
4.4.1.2. (2) Crime scene investigation services (CSI)	95
4.4.1.3. (3) Forensic police laboratories (FPL)	97
4.4.1.4. (4) The tactical police service	97
4.4.1.5. (5) The case magistrates	98
4.4.1.6. (6) The forensic advisor	100
4.4.1.7. (7) The DNA expert	101
4.4.1.8. (8) The indictment chamber (La chambre des mises en accusation)	102
4.4.1.9. (9) The lawyer	102
4.4.1.10. (10) National DNA databases	103
4.4.2. Empirical analysis of practices and reconfiguration of power relations: Key findings	105
4.4.2.1. The circulation of information, an internal constraint on the process of producing and using DNA expertise	105
Case study 1: The split of the LPTS	106
4.4.2.2. The legal framework: an external constraint on the process of producing and using DNA expertise.	107
Case study 2: Procedures for deleting profiles from national 'suspects' database.	109
4.3.2.3. Actor strategies in the process of producing and using DNA expertise	111

Case study 3: The institutionalisation of pre-filling DNA expert requests by forensic advisers	113
4.4.3. Prospective scenarios and recommendations	117
4.4.3.1. Scenario 1: Supporting and optimising the bureaucratisation of the forensic process	117
4.4.3.1.1. Strengthening standardised mechanisms by opening them up to a plurality of actors	117
4.4.3.1.2. Controlled automation of routine operations	117
4.4.3.1.3. Institutionalise and adapt feedback as a strategic tool	118
4.4.3.1.4. Conclusion of scenario 1: Optimisation logic and expected effects	118
4.4.3.2. Scenario 2: Rebalancing the process through reflexivity, cooperation and initiative on the part of stakeholders	119
4.4.3.2.1. Institutionalisation of exceptional measures	119
4.4.3.2.2. Strengthening spaces for exchange, knowledge creation and informal information sharing	119
4.4.3.2.3. Critical supervision of bureaucratic instruments and strengthening of contradictory guarantees	120
4.4.3.2.4. Conclusion of scenario 2: Optimisation logic and expected effects	121
4.4.3.3. Analytical articulation of scenarios 1 & 2	121
4.4.3.3.1. Functional interdependence: automating to create space for reflection	122
4.4.3.3.2. Feedback effect: reflexivity as a factor in rationalisation	122
4.4.3.3.3. Common dependence on structural constraints	122
4.4.3.3.4. Cross-cutting conclusion	123
4.5. Cross-sectional Results and Recommendation	123
4.5.1. The Logic of Optimization: A Tension Between Organizational Rationalization and Concrete Dynamics	123
4.5.2. The For2BioB Project: A Logic of Qualitative, Human-Centered and Collaborative optimization.	125
4.5.2.1. Limiting Quantity in Favor of Quality: Compliance, Representativeness, and Control of the Tools and Data.	125
4.5.2.1.1. Ensuring Compliance: Reliability, Utility, and Legality in Forensic DNA	126
4.5.2.1.2. Qualitative Inclusivity: Addressing Representativeness in DNA Forensics	128
4.5.2.1.3. Shaping Practices Under Real Organisational, Technical and Resource Constraints: Control as a Structuring Dimension of Qualitative Optimisation.	129
4.5.2.2. Beyond Technical Performance: Supporting Stakeholders and Preserving Human, Ethical, and Normative Dimensions in the Forensic DNA Process.	131
4.5.2.2.1. Assessing Uncertainty, Workload, and Normative Implications of Technical Innovations	131
4.5.2.2.2. Promoting Reflection, Communication, and Coordination among Stakeholders	133
4.5.2.3. Bridging Science and Practice: Interdisciplinary Research as a Driver of Qualitative Optimisation in Forensic DNA	134
4.5.2.3.1. Methodological Foundations and Project Construction	135
4.5.2.3.2. Translating Research Into Recommendations	136
5. DISSEMINATION AND VALORISATION	138
5.1. Final Conference	138
5.1.1. Internal dissemination - Organisation	138
5.1.2. Internal dissemination - Presentations	138
5.2. External dissemination	139
5.2.1. Completed External dissemination	139
5.2.2. Foreseen External dissemination	142
6. PUBLICATIONS	142

6.1. Completed Publications	142
6.2. Foreseen Publications.....	143
6.2.1. Linked to Pillar 1	143
6.2.2. Linked to Pillar 2	143
6.2.2.1. Linked to WP4	143
6.2.2.2. Linked to WP5	144
7. ACKNOWLEDGEMENTS	145
ANNEXES	146

ABSTRACT

Context: Since 1999, Belgium has had genetic databases to identify individuals and link files in the criminal justice system. The management of these human biobanks is entrusted by law to the NICC, in a totally sealed construction from any other biobank. However, DNA analysis techniques are evolving rapidly, and the NICC must adapt its biobank management to these new realities (Y chromosome, mitochondrial DNA, next generation sequencing, etc.) and anticipate the announced transformations in this field. Similarly, tools used for interpretation of matches between DNA profiles (Likelihood Ratio for example), used by the NICC as well as by accredited DNA analysis laboratories, are based on allelic frequencies dating back more than 20 years. However, the demographic changes at the Belgian and European levels over the last twenty years, as well as new 2024 DNA Law and the legalization of emergent DNA technics may lead to a re-evaluation and even adaptation of the 'referents' currently used to evaluate matches.

Objectives: This project has two interrelated objectives. On an operational level, the aim is to ensure optimal management quality of these criminal biobanks and to anticipate possible adaptations dictated both by changes in the reference population and by major developments in DNA analysis practices. From a regulatory point of view, it is a matter of questioning the limits of the current legislation on the use of DNA analysis in criminal matters. This legislation is limited to regulating the relationships between the traditional criminal justice actors, in a logic that completely ignores a series of other actors who nevertheless occupy a central place in the field of biobanking. The For2bioB project is thus designed to evaluate various aspects of the operational conditions of the NICC's DNA databases, structured around two key pillars. The first pillar focuses on optimizing the DNA database as a technical and scientific tool in the service of justice (WP1,2 & 3). The second pillar addresses the practices of all actors involved, both directly and indirectly, in the use of DNA databases (WP 4 & 5).

Conclusions: **WP1:** This work package shows that incorporating statistical parameters such as RMP into the inclusion criteria can improve the evidential value of partial DNA profiles. Even profiles with fewer markers can still be informative when they contain rare alleles. The study also demonstrates that database size directly affects the likelihood of adventitious matches, meaning that threshold values must be periodically reassessed as the database grows. Hybrid strategies, such as limiting the retention of low-marker profiles, can help prevent database saturation while maintaining efficiency. **WP2:** Transitioning to an LR-based comparison method would strengthen match interpretation by assigning a statistical weight to each hit rather than relying solely on the number of shared loci. This approach would also reduce the workload for DNA laboratories. If lower-marker profiles are included in the future, applying both LR and RMP thresholds will be essential to maintain match reliability while still increasing the number of genuine matches detected. **WP3:** The conducted analyses confirm that allele frequency differences between populations can have a measurable impact on RMP calculations. Although the comparison between the Belgian reference population and the BE-CODIS database showed minimal influence on statistical outcomes, broader comparisons across global populations revealed substantial variation. These differences were systematically identified using the NICC | INCC Frequency Calculator, which enabled systematic evaluation of DNA profiles across diverse population datasets. Such findings highlight the importance of considering population-specific data in forensic genetics. **WP4:** This work package highlights that optimising the regulation of the use of DNA technology in criminal matters cannot be reduced to isolated or purely technical adjustments. It requires, upstream, a broadening of the legislator's field of reflection (*sensu lato*), systematically integrating the legal, procedural, institutional and social implications of the choices made. The scenario-building tool, notably through its vector axes, is specifically designed to anticipate these effects, beyond considerations of immediate operational efficiency alone. WP4 also emphasises the importance of embedding regulation within a procedural dynamic, by supporting the legislator both in the construction of the norm and in the evaluation of its implementation. In this respect, optimisation also entails the establishment of ex post evaluation mechanisms, making it possible to assess concretely the effects of the norm, to identify discrepancies between law and practice, and to adjust the regulatory framework accordingly. Furthermore, the

analysis highlights the need to mobilise comparative criminal law in a strategic manner, particularly with regard to technical aspects, especially in areas where the Belgian framework lags behind or presents zones of uncertainty. It also stresses the risks associated with legal vacuums or regulatory blind spots, notably where certain practices or actors, such as laboratories, are not subject to any specific regulatory framework, despite playing a central role in the criminal process. Finally, WP4 recalls that fundamental rights do not merely constitute external limits to penal action, but also serve as structuring benchmarks for the effectiveness and legitimacy of the production of judicial truth. Optimising regulation therefore requires particular attention to the coherence of the arrangements put in place, by avoiding the multiplication of ad hoc bodies or mechanisms that are poorly articulated with the general functioning of the criminal justice system, and by favouring solutions that are compatible with existing procedural frameworks. **WP5:** Certain areas of tension have been identified throughout the forensic process, thanks to the cross-referenced accounts of the participants in the empirical investigation. The contingency of the process to material constraints, whether human (number of people available, training of those involved, etc.), financial (number of samples that can be analysed, type of analysis performed, etc.), temporal (management of audience flows, pre-filling of requisitions, etc.), or operational (lack of automated decryption software, lack of a telephone hotline accessible to those working at crime scenes, etc.) is particularly marked. These areas of tension hinder the smooth flow of information between those involved in the forensic process and prevent legal safeguards from being respected. They therefore have a direct impact on the quality of the forensic process. Moreover, these tensions push actors to deploy strategies aimed at exercising control over the flow of information and influencing the decisions of others involved in the forensic process. In response to this, the two regulatory scenarios developed in the framework of WP5 are based on a dynamic of balance. The first provides the stability, reliability and efficiency gains necessary for the functioning of a system subject to severe constraints. The second mobilises the judgement and cooperation essential for dealing with complex situations and ensuring the conformity of the process. Their combination aims to sustainably strengthen the organisational effectiveness, scientific relevance and legal robustness of DNA evidence.

Transversal conclusions: to achieve the objectives, the project's results are structured around three complementary axes. The first aims to limit quantity in favor of quality, ensuring compliance, representativeness, and control of tools and data. The second focuses on supporting stakeholders and preserving the human, ethical, and normative dimensions of the judicial process, considering workload, uncertainties, and normative choices generated by innovation. Finally, the third bridges science and practice, leveraging interdisciplinary, inductive, and pedagogical research to translate scientific knowledge into operational and normative recommendations, thereby promoting an evidence-informed, ethical and sustainable optimisation of the forensic DNA process. Nevertheless, in a context where resources are already limited, it is problematic for legislators to continue introducing new technical tools without assessing their concrete effects on work organisation, available budgets and the operational capacities of the system. This lack of prior assessment undermines the overall sustainability of the process and complicates the consistent implementation of the proposed solutions. Thus, the project finally offers a cross-cutting recommendation, which advocates for **the institutionalisation of ex ante impact assessment within the legislative process governing forensic DNA**. Such an assessment would serve multiple purposes: (1), it would objectively measure the financial, human, and organisational costs associated with any proposed technical innovation ; (2) it would evaluate expected benefits in concrete terms, taking into account available resources, operational constraints, and the actual practices of stakeholders, as well as the tangible effects on the objectives of the criminal justice process; (3) it would establish an evaluation methodology tailored to the specificities of DNA evidence, drawing on scientific, criminological, technical, and legal knowledge; and (4), it would be conducted by an established body in conjunction with the DNA Evaluation Commission, ensuring representation of researchers from all relevant disciplines, including criminology, law, and forensic sciences.

Keywords: Forensic DNA, DNA Databases, Genetic Comparison, DNA regulations, Actorial strategies, Public policies.

1. INTRODUCTION

The For2-BioB project aims to improve the management of the national DNA databases entrusted to the National Institute of Criminalistics and Criminology (NICC) under the Law of March 22, 1999. Amended on several occasions, this law specifies, among other things, the establishment of three DNA databases (DNA DB) which are now operational. The DNA databases are the center of gravity of a vast set of knowledge and practices aimed at producing the judiciary truth.

Currently in Belgium, the DNA databases serve two primary missions. First, they collect DNA profiles generated by Belgium's six accredited DNA laboratories. During criminal investigations, biological samples such as hair, blood, buccal swabs, and semen are routinely gathered for DNA extraction. The resulting DNA profiles are automatically transferred to the databases in accordance with the 2011 DNA law and securely stored. The second mission is to use the collected DNA profiles to support criminal investigations by generating investigative leads. When a DNA profile is submitted to the database, it is compared against existing profiles. This comparison relies on the unique characteristics of an individual's DNA. The primary technique used in modern forensic work for this purpose is Short Tandem Repeat (STR) typing, which leverages these unique DNA patterns to achieve accurate biological identification. STRs, also known as microsatellites, are repetitive DNA sequences consisting of segments approximately two to nine base pairs long that are repeated multiple times throughout the human genome. The variation in the number of these repeats makes STRs highly polymorphic, resulting in significant variability among individuals. The location of an STR on the genome is referred to as the locus (plural: loci), and the number of repeats at that locus is called the allele. Both the locus and allele are crucial for identifying and differentiating individuals in forensic cases. A match can be established based on the number of complementary STRs between two DNA profiles. If a match occurs between a DNA trace collected from a crime scene and a profile of a person in the database, it becomes possible to suggest a person of interest for the forensic investigators.

To optimize the operation of the databases, some criteria for the inclusion of DNA profiles in DNA Databases had to be established. The certified laboratories are allowed to transfer DNA profiles to DNA DB according to well-defined quality and acceptance rules. The analysis of the twelve STR markers constituting the European Standard Set (ESS) (ENFSI DNA Working Group, 2019) is the minimum necessary for the introduction of a genetic profile in a national database. The DNA Database must ensure that DNA profiles, which are included in the DB, can be matched. The so-called "conservative" working principle prevails in forensic science. It must be strictly avoided to report to the magistrate any adventitious matches ("false positives"). Matches in DB are searched automatically by the CODIS program developed by the FBI (see <https://www.fbi.gov/services/laboratory/biometric-analysis/codis>). The CODIS settings are specific to the NICC experts. They have also to approve these matches according to criteria that are evolving over time.

The correspondence between two genetic profiles has to be evaluated, requiring the calculation of the likelihood ratio - "LR". In forensic, it is necessary to consider how any evidence affects the comparison of the prosecution hypotheses and the defense hypothesis as given by the two sides. LR represents the strength of the evidence. The STR markers used to establish the genetic profile are considered in the LR. The evidentiary value of observing an allele depends on how common it is. The frequency of occurrence of these values within a given population is also taken into account and is

called "allelic frequency". It is therefore important to consider that using an incorrect reference population database of allele frequencies can lead to the incorrect identification of a DNA contributor.

For its first exploitation in 1991, STRs have been the most scientifically relevant material for forensic purposes. More than 3700 scientific papers are referenced on this subject [see <https://strbase.nist.gov>]. The DNA profiles are compared with each other in forensic investigations. In Belgium, some profiles are stored in a database, according to the following logic. The DNA Database known as "Forensics" contains the genetic profiles of simple (N=57,900) or complex (N=22,700) traces collected from crime scenes. It also contains the DNA profiles of suspects (N=5,900) if such a profile matches within its own file and/or with at least one of the profiles already registered in the national DNA Databases. The DNA Database "Convicted offenders" contains the DNA profiles of people convicted or interned (N=80,000) for (attempted) crimes or offenses covered by the DNA law. The last DNA database, called "Missing persons", gathers the genetic profiles of the bodies of unidentified individuals, the traces of missing persons and the genetic profiles of individuals related to them (N=570). Some 8,000 DNA profiles are added each year to these three DNA databases.

The DNA Databases work also at the European level. In particular, the so-called "Prüm" decisions (decisions 2008/615/JHA and 2018/616/JHA) organize a cross-border cooperation system that allows rapid and efficient exchange of information, especially in order to combat terrorism, cross-border crime and illegal migration.

However, following the enactment of the law on November 7, 2011, there has been a significant increase in the registration of DNA profiles in the database, as even convicted offenders of minor offenses (e.g., burglary, theft, etc.) are now included. In addition, the Belgian legislature has recently intervened to supplement the initial laws. The law of 7 March 2024 thoroughly reformed the regulatory framework relating to forensic DNA. In particular, it opened up data banks to non-autosomal comparisons, such as Y-STR and mtDNA comparisons. More generally, the new law legalised techniques that had previously been used only in exceptional cases in Belgium, such as DNA phenotyping and family searching. Finally, the 2024 law changed the retention periods for samples and profiles. In addition to the Act of 7 March 2024, Regulation (EU) 2024/982 (the 'Prüm II Régulation'), which aims to improve, streamline and facilitate the exchange of data for police cooperation, has been applicable since 25 April 2024. This Regulation, which aims to fill gaps in information gaps and strengthen the prevention, detection and investigation of criminal offences in the European Union, will also lead to a significant change in practices at the level of Belgian national databases, characterised by an increase in international data exchanges, due in particular to the integration of EUROPOL into the Prüm II system.

The impact of these new regulations on the forensic process is considered significant, as evidenced by the new versions of the DNA circulars from the College of General Prosecutors (COL 21/2013 & COL 07/2015), which proposes a major update to the guidelines for those involved. Indeed, using DNA databases in support of justice is part of a large set of knowledge and practices. They go far beyond the management of these databases. The field actors involved and their roles are as many as they are varied. These actors are those whose practices are, in part, determined by the law of 22 March 1999 - for example, the manager of the DNA databases, the public prosecutor and the investigating judge, the approved laboratory and the expert attached to it, the national DNA cell or the national contact

point for international exchanges (NICC). To these must be added all the traditional actors in the forensic, police and judicial process who are involved in one way or another in the collection, storage, analysis, comparison and use of forensic DNA. This dense network of actors, whose daily practices directly influence the production and use of DNA expertise, is therefore directly interacting with the new techniques and information circulating as a result of the various forensic DNA analysis and comparison techniques that have recently been legalised.

This recent growth, alongside the more routine use of DNA through international collaboration and the increasing reliance on DNA evidence in criminal cases, highlights the need for regular evaluations. These evaluations are essential to ensure that preserved and analyzed data meet the highest standards for judicial use, while also ensuring compliance with evolving ethical and legal requirements.

References

1. ENFSI DNA Working Group. (2019). *DNA database management: Review and recommendations*. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2021/09/ENFSI-DOCUMENT-ON-DNA-DATABASE-MANAGEMENT-2019.pdf>
2. Council Decision 2008/616/JHA of 23 June 2008 on the implementation of Decision 2008/615/JHA on the stepping up of cross-border cooperation, particularly in combating terrorism and cross-border crime.
3. Council Decision 2008/615/JHA of 23 June 2008 on the stepping up of cross-border cooperation, particularly in combating terrorism and cross-border crime
4. Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, M. B., 20 mai 1999,
5. Loi du 7 mars 2024 modifiant le code d'instruction criminelle, la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et la loi du 5 août 1992 sur la fonction de police, M.B., 14 mars 2024.
6. Circulaire du Collège des Procureurs généraux, ADN, Procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, COL 21/2013, 19 décembre 2013, version révisée/actualisée du 19 juillet 2024.
7. Circulaire du Collège des Procureurs généraux, ADN, COL 07/2015 concernant l'échange international de données ADN, COL 07/2015, 26 mai 2015.
8. Regulation (EU) 2024/982 of the European Parliament and of the Council of 13 March 2024 on the automated search and exchange of data for police cooperation, and amending Council Decisions 2008/615/JHA and 2008/616/JHA and Regulations (EU) 2018/1726, (EU) No 2019/817 and (EU) 2019/818 of the European Parliament and of the Council (the Prüm II Regulation)

2. STATE OF THE ART AND OBJECTIVES

2.1. General overview of the objectives: Pillars 1 & 2

The For2bioB project is designed to evaluate various aspects of the operational conditions of the NICC's DNA databases, structured around two key pillars:

Pillar 1 focuses on optimizing the DNA database as a technical and scientific tool in the service of justice. This pillar is divided into three work packages (WPs), each addressing specific elements that influence the efficiency of the DNA databases:

- **WP 1:** Examines the criteria for including DNA profiles in the database. Establishing clear and effective inclusion criteria is essential for ensuring the reliability and relevance of the stored profiles. This work package has analyzed which profiles should be included and how the inclusion of specific data can enhance the usability of the database.
- **WP 2:** Focuses on the methods for comparing genetic profiles within the database. Consistently and accurately comparing DNA profiles is crucial for identifying matches. This work package has evaluated the current comparison criteria and investigated ways to further optimize these methods to improve both accuracy and efficiency.
- **WP 3:** Explores the role of allelic frequencies in the statistical interpretation of DNA profiles and matches. This work package has analyzed which populations are most suitable for use in statistical models and how this selection can enhance the reliability of the findings. Additionally, the work package has explored whether the presence of rare alleles in a DNA profile can be associated with the ethnographic origin of the individual.

Pillar 2 addresses the practices of all actors involved, both directly and indirectly, in the use of DNA databases. This includes an analysis of current and potential regulatory mechanisms, with a particular focus on legal aspects. This pillar is divided into two work packages:

- **WP 4:** Focuses on the standards governing the use of biological material through DNA technologies and the information produced by means of such technologies.
- **WP 5:** Focuses on the identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

2.2. Pillar 1: DNA database as a scientific and technical device for comparing genetic profiles

Enhancing the operational efficiency of DNA databases is of paramount importance, particularly in light of their substantial contributions to forensic investigations. These databases play a critical role in the identification of individuals, the resolution of criminal cases, and the exoneration of wrongfully accused persons. However, their effectiveness is not solely determined by their size or the number of profiles they contain, but rather by a complex interplay of methodological and statistical parameters.

Key factors influencing the performance of DNA databases include:

- **Inclusion criteria:** The standards and thresholds used to determine whether a DNA profile is eligible for entry into the database significantly affect its utility. These criteria must balance sensitivity and specificity, ensuring that profiles are both informative and reliable.
- **Comparison algorithms and matching thresholds:** The procedures used to compare DNA profiles within the database—such as the selection of loci, the treatment of partial profiles, and the statistical thresholds for declaring a match—directly impact the likelihood of detecting true matches while minimizing false positives.
- **Allelic frequency data and population models:** The statistical interpretation of matches relies heavily on the allelic frequencies of the reference population(s) used. The choice of population data, its representativeness, and the assumptions underlying the statistical models (e.g., Hardy-Weinberg equilibrium, population substructure) can substantially influence match probabilities and likelihood ratios.

Together, these elements shape the overall efficiency, reliability, and forensic value of DNA databases. Continuous evaluation and refinement of these parameters are essential to ensure that the databases remain scientifically robust and legally defensible, especially as technological advances and population dynamics evolve.

2.2.1. Work package 1: Influence of the criteria for the partial DNA profiles inclusion in the Belgian DNA Databases on their efficiency

2.2.1.1. State of the art

Before DNA profiles are entered into DNA databases, they must meet specific criteria to ensure a qualitative DNA database. The European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) DNA Working Group has issued detailed recommendations on which DNA profiles should be registered in a DNA database, with guidelines focusing primarily on the number of loci present and the statistical evaluation of the profile. For cross-border comparisons within the European Union, DNA profiles must comply with the Prüm inclusion rules, which stipulate that single-source profiles must contain at least six loci from the European Standard Set (ESS). Nevertheless, each member state retains the autonomy to establish its own inclusion criteria for national databases, reflecting differences in legal frameworks, forensic practice, and national priorities [1].

These criteria were introduced because DNA profiles derived from crime scene samples often fail to contain all loci available in commercial DNA analysis kits. Environmental factors such as sunlight, humidity, or water exposure can degrade DNA and cause the loss of STR markers. These profiles are referred to as partial profiles. Partial profiles may still be admitted into national DNA databases if their evidential value is considered sufficiently high. However, because they contain fewer STR markers for comparison, the probability of an adventitious match, an incidental match between two unrelated individuals, increases [2-4].

The thresholds are designed to safeguard the efficiency and reliability of DNA databases by ensuring that only sufficiently informative profiles are included. In Belgium, the current practice requires that a DNA profile obtained from traces must contain at least five out of seven loci of the old ESS or a minimum of ten loci in total before it can be added to the national database. For mixed profiles, the threshold is slightly higher: they must contain seven loci of the old ESS or at least ten loci in total.

Nevertheless, in practice, even partial profiles that do not meet these formal inclusion criteria can retain considerable forensic value. In high-priority investigations, for instance, where only trace amounts of DNA are recovered, a profile with fewer loci may still provide a crucial lead. Although such profiles are typically excluded under Belgium's current locus-based criteria, complementary statistical approaches, as recommended by the ENFSI DNA Working Group, could help assess their relevance and justify their inclusion in specific investigative contexts [1-2]. ENFSI specifically recommends the use of Random Match Probability (RMP) to estimate the likelihood that a DNA profile could randomly match an unrelated individual from the reference population. Incorporating RMP into the evaluation process would allow partial profiles to be assessed not only on the basis of locus count but also on their statistical discriminative power [1].

References

1. ENFSI DNA Working Group. (2019). *DNA database management: Review and recommendations*. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2021/09/ENFSI-DOCUMENT-ON-DNA-DATABASE-MANAGEMENT-2019.pdf>
2. Hicks T, Taroni F, Curran J, Buckleton J, Ribaux O, Castella V. Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part I. Partial SGM Plus profiles. *Forensic Sci Int Genet*. 2010 Jul;4(4):232-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.10.002. Epub 2009 Nov 3. PMID: 20457051.
3. Gill P, Haned H, Bleka O, Hansson O, Dørum G, Egeland T. Genotyping and interpretation of STR-DNA: Low-template, mixtures and database matches-Twenty years of research and development. *Forensic Sci Int Genet*. 2015 Sep;18:100-17. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.03.014. Epub 2015 Mar 27. PMID: 25866376.
4. Rowold, D. J., & Herrera, R. J. (2005). On human STR sub-population structure. *Forensic Science International*, 151(1), 59–69. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.07.007>

2.2.1.2. Objectives

The absence of Random Match Probability (RMP) as an inclusion criterion in Belgium implies that some potentially informative DNA profiles, despite containing fewer loci, are currently being overlooked, even though they may carry significant evidential weight. WP1 will therefore assess the impact of a potential expansion of the current inclusion criteria on the efficiency of the Belgian forensic DNA database. Specifically, WP1 will evaluate whether the inclusion of partial DNA profiles is beneficial for the Belgian forensic DNA database, while acknowledging that such profiles may increase the likelihood of adventitious matches and thereby reduce overall database efficiency. Within this framework, RMP will be examined as a potential new criterion for the inclusion of partial DNA profiles.

The RMP is a statistical measure based on allele frequencies that estimates the likelihood that a random, unrelated individual from the population possesses a DNA profile identical to the one under investigation. In essence, RMP assigns a value to a DNA profile, indicating how common or rare it is within a given population. A lower RMP reflects a rarer profile, whereas a higher RMP indicates a more common profile, which consequently carries less evidential weight in a forensic context [1-3].

Increasing the number of STR markers in an analysis generally decreases the RMP, thereby enhancing the specificity and uniqueness of the DNA profile. However, the presence of rare alleles, those occurring at very low frequencies in the population, can also substantially reduce the RMP, even when fewer loci are involved. Rare alleles contribute disproportionately to the rarity of a profile, as their low population frequency makes coincidental matches far less likely. When such alleles occur across multiple loci, the resulting profile may be highly individualized. Consequently, a partial profile with only seven loci but containing several rare alleles could yield a lower RMP than a ten-locus profile

composed of more common alleles. In such cases, the partial profile may provide greater evidential value, despite not meeting standard locus-based thresholds for database entry [1-3].

Expanding the inclusion criteria to admit more DNA profiles will inevitably lead to further growth of the database. While this growth increases the scope and potential utility of the database, it also influences its efficiency: as more profiles are compared against each other, the probability of adventitious matches rises. This trade-off highlights the need for a balanced approach that maximizes the evidential value of partial profiles without compromising the reliability of the database[1,4].

The results of WP1 will determine whether RMP represents a more effective inclusion criterion compared to the current locus-based approach. Ultimately, this evaluation will clarify whether partial DNA profiles can be incorporated into the Belgian forensic DNA database while maintaining high levels of efficiency.

References

1. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141
2. Ng, J., Oldt, R. F., & Kanthaswamy, S. (2018). Assessing the FBI's Native American STR database for random match probability calculations. *Legal Medicine*, 30, 52–55. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2017.10.012>
3. Oldt, R. F., & Kanthaswamy, S. (2020). Expanded CODIS STR allele frequencies – Evidence for the irrelevance of race-based DNA databases. *Legal Medicine*, 42, 101642. <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2019.101642>
4. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141

2.2.2. Work package 2: Influence of the comparison criteria of two genetic profiles on the efficiency of the DNA Databases

2.2.2.1. State of the art

Once DNA profiles are entered into the national DNA database, they are automatically compared against existing profiles to identify potential matches. It is then the responsibility of the DNA database expert to evaluate these proposed matches, known as hits, and determine whether they represent a genuine match. Belgium uses the Combined DNA Index System (CODIS) as its central DNA database. Within CODIS, comparisons between profiles are performed using different levels of search stringency, which define how strictly two profiles must correspond:

- **“High stringency”** requires that all alleles at every locus in one DNA profile are identically present in the other profile, including the number of alleles per locus [1].
- **“Moderate stringency”** allows for comparison between profiles with differing allele counts, such as mixed and single-source profiles. Here, the alleles from the locus with the fewest alleles must be present in the corresponding locus of the other profile. Because homozygotes are represented by a single allele in CODIS, this stringency also accounts for potential allele drop-out (e.g., a 12/13 profile may match with 12/ or 13/). This level of stringency may provide valuable insights, yet it has not been implemented or investigated in the context of this project [1].

- **“Low stringency”** requires that at least one allele per locus in one profile is present in the other. This level is typically used for kinship analysis, such as parent-child relationships, and falls outside the scope of this project [1].

In Belgium, a dedicated workflow has been developed for the high stringency searches to assist DNA database experts in assessing whether a CODIS hit constitutes a genuine match, in line with ENFSI recommendations [1]. Under the "High stringency" protocol, a comparison is initiated only for candidate matches generated by CODIS exhibiting five or more common loci. When there are only five to seven loci shared between the two individual DNA profiles, an additional investigation request is dispatched to the investigating laboratory due to the potentially elevated risk of an adventitious match. Following the laboratory's findings, a reassessment of the profiles is conducted to ascertain a genuine match. If further analysis is not feasible, such as in cases where no sample remains, the candidate match is deemed a no match. A match is confirmed when more than seven common loci are shared. However, a distinction is made between profiles with eight to nine common loci and those with ten or more. In cases of eight to nine common loci, an additional remark is added to indicate the presence of a limited number of markers in the match. This precautionary measure is intended to alert the magistrate to the presence of a match, while emphasizing the need for careful consideration in its evaluation. This caution is warranted as the match is based on a slightly lower number of loci (eight to nine instead of the ideal ten), which marginally increases the probability of a coincidental match. This methodology closely reflects the current Belgian locus-based inclusion criteria, where the number of loci shared in a candidate match is the primary determinant of whether a hit is considered genuine. However, this approach does not take into account valuable information such as the presence of rare alleles, which can substantially increase the evidential value of a potential match. To address these limitations, complementary statistical approaches, such as the Random Match Probability (RMP), have been proposed. In this context, the Likelihood Ratio (LR) is frequently applied as an additional measure to assess the strength of a match [1-3].

References

1. ENFSI DNA Working Group. (2019). *DNA database management: Review and recommendations*. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2021/09/ENFSI-DOCUMENT-ON-DNA-DATABASE-MANAGEMENT-2019.pdf>
2. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141
3. Hicks T, Taroni F, Curran J, Buckleton J, Ribaux O, Castella V. Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part I. Partial SGM Plus profiles. *Forensic Sci Int Genet*. 2010 Jul;4(4):232-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.10.002. Epub 2009 Nov 3. PMID: 20457051.

2.2.2.2. Objectives

The objective of Work Package 2 (WP2) is to evaluate whether the calculation of a Likelihood Ratio (LR) could serve as a more effective comparison criterion than the locus-based approach currently applied in Belgium. The LR is a statistical tool widely used in forensic science to assess the strength of DNA evidence by comparing how likely the observed data are under two competing hypotheses: the prosecution hypothesis (H1), which assumes that the DNA profiles originate from the same individual, and the defense hypothesis (H2), which assumes that the profiles come from two different, unrelated individuals. The LR expresses the relative likelihood of the evidence under these hypotheses, thereby quantifying its probative value [1-5].

This methodology offers several advantages over the current Belgian workflow, which primarily focuses on the number of common loci in candidate matches during the initial analysis. By incorporating population allele frequencies and accounting for the presence of rare alleles, the LR provides a more nuanced and statistically grounded assessment of the significance of a match. In addition, it might enhance the interpretation of results and facilitate clearer communication with key stakeholders such as investigators, magistrates, judges, and juries. Importantly, even in cases involving partial matches or incomplete DNA profiles, the LR can still be calculated based on the available data [3-5].

As DNA databases continue to expand, the probability of adventitious matches inevitably increases. Consequently, reliance solely on the number of shared loci between two profiles may become insufficient for accurate and reliable assessments. By integrating LR methodology, forensic analysis can adapt to the challenges posed by larger databases and provide a more robust framework for distinguishing between genuine and coincidental matches [6-7].

The results of WP2 will determine whether the LR represents a more effective comparison criterion than the current locus-based approach. Ultimately, this evaluation will clarify whether LR can reliably differentiate genuine matches from adventitious ones and whether the continued growth of DNA databases influences the thresholds at which LR values should be interpreted.

References

1. ENFSI DNA Working Group. (2019). *DNA database management: Review and recommendations*. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2021/09/ENFSI-DOCUMENT-ON-DNA-DATABASE-MANAGEMENT-2019.pdf>
2. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141
3. Hicks T, Taroni F, Curran J, Buckleton J, Ribaux O, Castella V. Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part I. Partial SGM Plus profiles. *Forensic Sci Int Genet*. 2010 Jul;4(4):232-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.10.002. Epub 2009 Nov 3. PMID: 20457051.
4. Mortera, J. (2020). DNA mixtures in forensic investigations: The statistical state of the art. *Annual Review of Statistics and Its Application*, 7, 111-142.
5. Laurent FX, Fischer A, Oldt RF, Kanthaswamy S, Buckleton JS, Hitchin S. Streamlining the decision-making process for international DNA kinship matching using Worldwide allele frequencies and tailored cutoff log10LR thresholds. *Forensic Sci Int Genet*. 2022 Mar;57:102634. doi: 10.1016/j.fsigen.2021.102634. Epub 2021 Nov 27. PMID: 34871915.
6. Santos F, Machado H, Silva S. Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance? *Life Sci Soc Policy*. 2013 Dec 3;9:12. doi: 10.1186/2195-7819-9-12. PMCID: PMC4513018.
7. Walsh SJ, Curran JM, Buckleton JS. Modeling forensic DNA database performance. *J Forensic Sci*. 2010 Sep;55(5):1174-83. doi: 10.1111/j.1556-4029.2010.01426.x. PMID: 20533978.

2.2.3. Work package 3: Choice of the reference population (allelic frequencies) to use in order to interpret a match between two genetic profiles

2.2.3.1. State of the art

The choice of reference population plays a critical role in forensic DNA analysis, particularly when calculating statistical parameters such as the RMP and the LR. Both metrics rely heavily on allele frequency data, making it essential to use a reference population that accurately reflects the genetic background of the relevant population. Scientific literature and practical casework have demonstrated that allele frequencies can vary significantly across populations, which may influence the

interpretation and weight of DNA evidence. For instance, alleles that are considered rare in one population may be prevalent in another, leading to potential misinterpretations of match probabilities. Selecting an appropriate reference population is therefore fundamental to ensuring the reliability and validity of forensic conclusions [1–6].

In Belgium, the reference population currently used in forensic DNA analysis is based on data collected in 2012, comprising approximately 400 individuals [7–10]. Since then, Belgium has experienced significant demographic changes, including increased migration. Recent figures from Statbel (the Belgian statistics office) [11] highlight substantial growth across various subpopulation groups, suggesting that the current reference dataset may no longer adequately reflect the country's genetic diversity. Such shifts in population structure can directly affect the accuracy of forensic analyses, as outdated allele frequency data may lead to less reliable RMP and LR calculations. To safeguard the integrity of DNA evidence interpretation, it is therefore essential to periodically review and update reference populations, ensuring that forensic assessments remain representative, statistically sound, and legally robust [12,13].

In addition to the interest of reviewing reference populations, it is important to consider how genetic markers, particularly STR markers, are utilized in forensic analysis. STR markers are primarily employed in DNA comparisons for generating investigative leads for judicial investigations. However, their variation across populations raises an additional question: can STR data also be used to make geographic or ancestral estimations? By examining allelic frequency distributions, researchers may gain insights into an individual's heritage, as certain markers are more prevalent in specific populations [13].

References

1. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141
2. Jessica Perry et al, *English and Irish population comparison using STR markers: Insights into genetic disparities and historical influences*, *Forensic Science International: Reports*, Volume 8, 2023, 100334, ISSN 2665-9107, <https://doi.org/10.1016/j.fsir.2023.100334>
3. Zeye MMJ, Ouedraogo SY, Bado P, Zoure AA, Djigma FW, Wu X, Simpore J. Forensic autosomal and gonosomal short tandem repeat marker reference database for populations in Burkina Faso. *Sci Rep*. 2024 Mar 28;14(1):7369. doi: 10.1038/s41598-024-58179-4. PMID: 38548827; PMCID: PMC10979005.
4. Butler. "Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation." ScienceDirect, 2014, www.sciencedirect.com/book/9780124052130/advanced-topics-in-forensic-dna-typing-interpretation.
5. Mertens, G., Rand, S., Moordtgat, K., Cardoen, E., De Bruyn, I., Mommers, N., Leijnen, G., Jhaes, E., & Jacobs, W. (2011). Population genetic analysis of Moroccans residing in Belgium using 16 autosomal STRs of the PowerPlex ESI 17 multiplex. *Forensic Science International: Genetics*, 5(4), 352–353. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.01.008>
6. Poetsch, M., Ergin, Z., Bayer, K., El-Mostaqim, D., Rakotomavo, N., Browne, E. N. L., Timmann, C., Horstmann, R. D., Schwark, T., & von Wurmb-Schwark, N. (2011). The new Powerplex® ESX17 and ESI17 kits in paternity and maternity analyses involving people from Africa—Including allele frequencies for three African populations. *International Journal of Legal Medicine*, 125(1), 149–154. <https://doi.org/10.1007/s00414-010-0502-0>
7. Decorte, R., Engelen, M., Larno, L., Nelissen, K., Gilissen, A., & Cassiman, J.-J. (2004). Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR® SGM Plus and AmpFISTR™ profiler PCR amplification kit). *Forensic Science International*, 139(2–3), 211–213. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2003.11.007>
8. Decorte, R., Verhoeven, E., Vanhoutte, E., Knaepen, K., & Cassiman, J.-J. (2006). Allele Frequency Data for 19 Short Tandem Repeats (PowerPlexR 16 and FFFI) in a Belgian Population Sample. *Journal of Forensic Sciences*, 51(2), 436–437. <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2006.00089.x>
9. Dognaux, S., Larmuseau, M. H. D., Jansen, L., Heylen, T., Vanderheyden, N., Bekaert, B., Noel, F., & Decorte, R. (2012). Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci and D1S1677 in the Belgian

population. *Forensic Science International: Genetics*, 6(2), e75–e77.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.05.003>

10. Van Hoofstat, D. E. O., Deforce, D. L. D., Millecamps, R. E. M., Brochez, V. M., Van Geldre, E. G. L., Vergauwe, A., Sijs, A., & Van Den Eeckhout, E. G. (1998). Population genetic study of four short tandem repeat loci in the Belgian population, using capillary electrophoresis. *Electrophoresis*, 19(5), 719–722.
<https://doi.org/10.1002/elps.1150190520>

11. Statbel. *Herkomst naar gedetailleerde nationaliteitsgroep per provincie. Geraadpleegd van*
<https://statbel.fgov.be/sites/default/files/files/documents/bevolking/5.13%20Herkomst/Herkomst%20naar%20gedetailleerde%20nationaliteitsgroep%20per%20provincie.xlsx>

12. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from:
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141

13. Butler. “Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation.” *ScienceDirect*, 2014,
www.sciencedirect.com/book/9780124052130/advanced-topics-in-forensic-dna-typing-interpretation.

2.2.3.2. Objectives

The objective of this work package is to determine whether the current Belgian reference population dataset still adequately represents the country’s genetic diversity, taking into account the demographic changes that have occurred since 2012. To address this, a different and preferably more recent source of Belgian reference population data will be used for comparison. Through this analysis, the project aims to assess how variations in allele frequency data may influence the reliability of RMP and LR calculations in forensic casework.

In addition, the work package aims to explore whether variation in STR allele frequencies across populations can be utilized not only for match probability calculations but also for supplementary investigative purposes, such as ethno-geographical estimations. By doing so, the project seeks to broaden the evidential value of forensic DNA analysis and enhance its relevance in both scientific and potentially judicial contexts.

2.3. Pillar 2: Exploring the practices of all actors involved in the use of DNA databases.

Pillar 2 addresses the practices of all actors involved, both directly and indirectly, in the use of DNA databases. This includes an analysis of current and potential regulatory mechanisms, with a particular focus on legal aspects. This pillar is divided into two work packages:

- WP 4: WP 4 focuses more specifically on the standards governing the use of biological material through DNA technologies and the information produced by means of such technologies.
- WP 5: Analyzes and reconfigures the relationships between field actors and their practices to further improve the efficiency of DNA databases usage.

2.3.1 Work package 4: Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

2.3.1.1 State of the art

The use of DNA databases in criminal matters is situated within a specific legal framework, structured primarily around the Act of 22 March 1999. This legislation governs the recording, storage, use, and exchange of DNA profiles and serves as the normative backbone of the federal-level system.

The Act of 22 March 1999 defines the purposes, conditions, and modalities for the use of DNA data in a criminal context. It specifies, among other elements, the types of profiles that may be recorded, the existing databases, the mechanisms for comparison, and the safeguards applicable to the national and international use of DNA data. At the same time, the scope of the Act remains deliberately circumscribed: it does not cover certain structural aspects of the system, such as the development or validation of the analysis kits used, nor does it regulate all institutional interactions that, in practice, contribute to the functioning of the DNA framework. Moreover, the regulation of DNA is situated within a broader normative environment, including rules of criminal procedure, technical standards, data protection requirements, and principles derived from international law.

An examination of the applicable legal framework reveals substantial gaps in the current state of knowledge. A comprehensive and up-to-date description of DNA regulation in Belgium, including recent evolutions of the system, remains largely absent. This documentation deficit is particularly striking given the substantial reform introduced by the new DNA Act of 7 March 2023 (entered into force in 2024), which has resulted in very limited doctrinal engagement, with only a single major publication to date: *De nieuwe DNA-wet: een grote stap voorwaarts voor het DNA-onderzoek in Belgische strafdossiers* (Pierre Van Renterghem).

To date, there exists no recent overarching synthesis, no systematic and integrated analysis, and no comparative law study expressly including Belgium, whereas similar works are more readily available abroad, especially concerning fundamental rights issues in the context of forensic DNA use.

Reference

1. P. Van Renterghem, “De nieuwe DNA-wet: een grote stap voorwaarts voor het DNA-onderzoek in Belgische strafdossiers”, *Panopticon* (45/2), March 2024, pp. 182-195.

2.3.1.2. Objectives

WP 4 focuses more specifically on the standards governing the use of biological material through DNA technologies and the information produced by means of such technologies. It must be considered jointly with WP 5, which deals more specifically with all the practices and processes that, in one way or another, feed (or not) these structures, allow (or not) their functioning or make use (or not) of the elements of truth that they produce.

The research undertaken within WP 4 rests largely on two observations. First, the legislator has adopted in 1999 a “restrictive” approach, characterized both by a limitation on the use of DNA technology and its supervision by a specific, very detailed legal system. The legislative evolution since 2011 leads to larger conditions of use of DNA, a larger number of profile registrations, an ever larger and more routine use of DNA and organized links on an international level. However, these

modifications were introduced without any broader reflection on the place and use of DNA in criminal matters. Such reflection is all the more necessary since, since 1999, technological innovations in this field have been substantial.

Secondly, there is a concern to limit the scope of the regulation to the use of DNA in criminal matters. The lawmaker did not include a series of actors or all the relationships that connect them. For example, the law of 22 March 1999 does not deal with the development or validation of the analysis kits that are used. Furthermore, the actors inscribe their practices in normative fields other than legal ones. Similar observations can be made with respect to the 2024 DNA Law, which was adopted while the research project was already underway.

The main objective of WP 4 is to rethink the regulation of DNA-related matters with a view to optimising the use of biological material and the information produced through DNA technologies. Given the observations mentioned above, this objective implies taking into account not only the legal framework but also other modes of regulation and the practices of field actors – which means that the approach adopted within WP 4 is both legal and empirical.

The research process followed is twofold. Firstly, the question of optimizing the use of DNA technologies and databases is addressed within the currently applicable legal framework. This is the “ α ” part of the work package. The question is also developed without regard to the legal rules in force. The aim is to produce a series of conjectural scenarios designed to encourage initiatives to change the current legal framework and to provide a framework for these initiatives – which implies taking into account a certain number of “legal invariants”. This more prospective research constitutes the “ β ” part of the work package.

This two-step approach will allow, independently of political projects, which are by nature uncertain, to pursue the goal of optimizing the use of DNA technologies and databases, while marking out scientifically the field of the evolutions of the legal framework currently in force.

In practical terms, this objective is pursued by focusing primarily on four themes selected in view of the ethical and legal questions they raise, the expectations or needs of field actors, and the evolution of DNA technologies since the adoption of the 1999 DNA Law. This thematic approach offers a dual advantage. On the one hand, it is highly probable that forthcoming major legislative reforms will concern these very areas, thereby giving the scenarios built around them an obvious added value. The 2024 DNA Law reform confirms the relevance of this choice in addressing the research subject. On the other hand, it may be assumed that, owing to the selection criteria applied, these topics are precisely those on which the Belgian or foreign legislator is most likely to demonstrate creativity following in-depth reflection – a factor likely to foster the development of richer scenarios.

The four themes defined in the initial research proposal are as follows:

1. The distinction between non-coding DNA and coding DNA – the use of coding DNA having been prohibited under the 1999 DNA Law until its reform in 2024;
2. The identification of biological kinship between several individuals by comparing their respective DNA profiles – which situates DNA exploitation within a “relational” rather than an individualising approach;

3. The use of STR markers characteristic of certain populations of specific ethno-geographical origin, allowing the inference of personal characteristics (such as skin tone, etc.);
4. The cross-matching of DNA databases used within the criminal-justice system with other DNA databases, notably private or so-called “recreational” ones.

To some extent, the choice of these themes may evolve in line with the stages of the research and the results obtained during its implementation.

Regarding international scientific literature, the body of research on the use of DNA technologies in criminal matters is relatively extensive. However, it often focuses on specific legal systems, without fully integrating into the analysis the logic of actors, field practices, or organisational constraints.

As for Belgian scientific literature, most publications are legal in nature and nationally oriented. Few studies address field practices or the structural changes induced by the evolution of DNA technologies. Furthermore, following the 2024 DNA Law reform, it must be acknowledged that a number of earlier academic publications are now partially outdated – at least in certain respects.

2.3.2. Work Package 5: Identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

2.3.2.1. State of the Art

Little research has focused on how the forensic process unfolds in practice, particularly from the perspective of the relationships between the various actors involved. The scientific literature usually presents DNA as a powerful tool to be used during investigations (Bond, Phil, & Hammond, 2007; De Greef, 2008; Malsh, de Keijser, Luining, Weulen Kranenbarg, & Lenssen, 2016). DNA is therefore widely used during criminal investigations to obtain information about the perpetrator, as it is unique to each individual (with the exception of identical twins) and remains stable throughout a person's lifetime (De Greef, 2008; Meulenbroek, 2009). While there is clear theoretical interest in DNA, its practical uses remain largely under-researched. For instance, at the NICC, research has been conducted on the impact of DNA on judicial management methods (Renard, 2008), on the financial aspects of such expertise (Jeuniaux & Renard, 2012), and on the strategic possibilities offered by exploiting genetic profiles (Jeuniaux, Renard, & Vanvooren, 2012). However, after more than €73 million spent on DNA expertise alone (Jeuniaux & Renard, 2012), and more than 10 years after the 1999 Act providing the judicial foundation of Forensic DNA was voted, the Federal Public Service Justice has yet to evaluate the impact resulting from performing such kinds of expertise – either in terms of benefits or costs at large.

Remarkably, however, previous research coordinated by the INCC and dedicated to understanding the operational, strategic, and political implications of the National Genetic Database has highlighted some important elements in the specific Belgian context (Renard et al, 2019). This research notably showed that on the operational front many actors are still unfamiliar with different aspects of DNA, the coordination between the different stages of the process is not optimal and that the practice is not identical depending on the geographical location of where the DNA is sampled and analysed. On the strategic front, the research made it possible to emphasise the informational potential of DNA, its importance and the fact that, for now, it is underutilised. The added value of DNA linked to police data particularly shows that this leads to a better understanding of unknown offenders.

In addition to this research specific to the Belgian context, other authors have taken a broader interest in the developments and effects of forensic DNA on the criminal justice process. This work concerns, in particular, the effects of forensic expertise in the construction of judgement (Dumoulin, 2000), the way in which DNA expertise is used by lawyers during sentencing hearings (Larregue, 2020), the perceptions of French actors regarding emerging DNA techniques, such as DNA phenotyping (Vailly, 2021), the discourse justifying the use and development of forensic DNA (Wienroth & McCartney, 2023), methods for evaluating genetic databases (Amankwaa & McCartney, 2022), and, more generally, the effects of the development of forensic DNA on crime governance and police surveillance mechanisms (Machado & Granja, 2020; Wienroth, 2018).

This literature thus leaves open the question of the evolution of practices relating to forensic DNA specific to Belgium, particularly in view of the new DNA Act 2024.

References

1. Amankwaa, A., & McCartney, C. (2022). Evaluating forensic DNA databases. In C. Toom, M. Wienroth, & A. M'Charek (Eds.), *Forensic DNA profiling across the globe: Exploring technolegal worlds*. Routledge.
2. Bond, J. W., & Hammond, C. (2007). Value of DNA evidence in detecting crime. *Journal of Forensic Sciences*, 52(1), 128–136. <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2006.00320.x>
3. De Greef, C. (2008). Genetische identificatie. In P. Boel, V. De Cloet, J. De Kinder, J. Mahieu, & D. Van Varenbergh (Eds.), *Handboek forensisch onderzoek: De mogelijkheden van het forensisch onderzoek* (pp. 135–156). Brussel: Politeia.
4. Dumoulin, L. (2000). L'expertise judiciaire dans la construction du jugement : De la ressource à la contrainte. *Droit et société*, 44–45, 199–223.
5. Jeuniaux, P., & Renard, B. (2012). Les coûts de l'ADN : Les dépenses en matière d'expertise génétique dans le système pénal belge, de 2000 à 2010 (Report n°29). Bruxelles: Institut National de Criminalistique et de Criminologie.
6. Jeuniaux, P., Renard, B., & Vanvooren, V. (2012, August). A statistical analysis of DNA profile networks to support criminal investigation. Den Haag.
7. Larregue, J. (2020). La « vérité », l'ADN et l'avocat pénaliste : La mise en scène de la crédibilité dans le champ juridique. *Sociétés contemporaines*, 118(2), 133–165. <https://doi.org/10.3917/soco.118.0133>
8. Machado, H., & Granja, R. (2020). Forensic genetics in the governance of crime. *Springer Nature*.
9. Malsh, M., de Keijser, J., Luining, E., Weulen Kranenbarg, M., & Lenssen, D. (2016). Hoe hard is DNA-bewijs? Internationaal-vergelijkend onderzoek naar de interpretatie van DNA-profielen. *Nederlands Juristenblad*, 91(18), 1261–1266.
10. Meulenbroek, A. (2009). De essenties van forensisch biologisch onderzoek: Humane biologische sporen en DNA. Zutphen: Paris.
11. Renard, B. (2008). Ce que l'ADN fait faire à la justice. *Sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale* (Thèse de doctorat). Université catholique de Louvain.
12. Renard, B., Vander Beken, T., De Hert, P., Stappers, C., De Moor, S., Gallala, I., Praile, P., & Struyf, P. (2019). Understanding the operational, strategic, and political implications of the national genetic database. Final report. Brussels: Belgian Science Policy (BRAIN-be).
13. Vailly, J. (Ed.). (2021). Sur la trace des suspects. L'incorporation de la preuve et l'indice à l'ère de la génétique. Paris : Éditeur, coll. « Le (bien) commun ».
14. Wienroth, M. (2018). Governing anticipatory technology practices: Forensic DNA phenotyping and the forensic genetics community in Europe. *New Genetics and Society*, 37(2), 137–152. <https://doi.org/10.1080/14636778.2018.1469975>
15. Wienroth, M., & McCartney, C. (2023). Noble cause casuistry in forensic genetics. *WIREs Forensic Science*. <https://doi.org/10.1002/wfs2>.

2.3.2.2. Objectives

In accordance with the project's initial plan, optimizing the use of DNA databases requires taking into account all practices and processes that, in one way or another, feed these structures, condition their operation, or make use of the elements of truth they produce. This approach entails the development of an actorial mapping of the studied field, while also considering its recent evolutions, particularly from a legal and operational perspective. The objectives of this work package are therefore threefold:

1. Normative analysis and formal mapping of the Belgian actor's tasks and relationships.

The first objective is to produce a synthesis of the relationships between the actors responsible for producing, using, or overseeing DNA expertise, as these relationships are expected to unfold in accordance with the legal norms currently in force. This analysis is primarily based on the study of official documents, including the DNA Circular 21/2013 drafted by the College of General Prosecutors of Belgium in its most recent version, and the DNA Law of March 2024, which had already entered into force at the time the research began. This first stage results in a normative actorial mapping of the Belgian system.

2. Empirical analysis of practices and reconfiguration of power relations

The second stage involves conducting field research to understand how the actual practices of actors diverge from the previously defined normative framework and how their relationships are reconfigured around the different stages of DNA expertise — collection, analysis, interpretation, use and control. The research focuses on identifying power dynamics, their redistribution, and their effects on both the production of forensic results and the regulatory framework itself. In this regard, the strategic actor theory developed in 1977 by Michel Crozier and Erhard Friedberg in their landmark book *Actors and Systems. The Politics of Collective Actions* serves as the main analytical framework. The aim is to shed light on the objectives pursued by the various actors, the issues that drive them, the resources they mobilize, the constraints they face, and the strategies they implement in their professional practices.

3. Development of prospective scenarios and policy recommendations

WP5 also includes a comparative law dimension, which was initially part of this work package but has been integrated into WP4 for the sake of coherence. The results of that analysis will be used in conjunction with the empirical actorial mapping. Together, these elements will contribute to the formulation of a series of prospective scenarios including potential modifications to the current legal framework. These scenarios aim to generate policy recommendations for public authorities, grounded not only in a theoretical understanding of how DNA databases operate in Belgium, but also in an empirical analysis of the challenges faced by field actors and the strategies they develop to address them.

3. METHODOLOGY

3.1. Work packages 1 and 2: Influence of the criteria for the partial DNA profiles inclusion in the Belgian DNA Databases on their efficiency / Influence of the comparison criteria of two genetic profiles on the efficiency of the DNA Databases

3.1.1. Retrospective study

To evaluate whether revising the inclusion and comparison criteria of the Belgian forensic DNA database could be beneficial, a retrospective study was conducted. The primary aim was to assess whether Likelihood Ratio (LR) values provide a more informative and robust comparison method than the current approach, which relies exclusively on the number of shared loci.

High Stringency CODIS matches recorded between 2021 and 2023 were analyzed, with a focus on matches involving seven to ten shared STR markers. These matches were grouped into four categories (High 7, High 8, High 9, and High 10) according to the number of loci shared between profiles. The study examined whether these categories correspond to meaningful differences in evidential strength when LR values are taken into account.

For the statistical analysis, boxplots were generated using the BoxPlotR online tool [1], providing a clear visualization of LR distributions across the different match categories. These plots offered insights into central tendency, variability, and data spread, as well as the identification of potential outliers. To further explore the distribution of LR values, density plots were created to illustrate the Log_{10} LR distributions across the different loci groups. The degree of overlap between distribution curves was also calculated to quantify similarities between categories and support comparative analysis.

A non-parametric statistical approach was adopted, employing the Kruskal–Wallis test to evaluate potential differences among the four categories. This test was chosen because the data might not meet the assumptions of normality and homogeneity of variances required for parametric methods such as ANOVA. All analyses were performed in RStudio, using the FSA package and the `kruskal.test` function. The Kruskal–Wallis test compares median ranks to determine whether distributions of a continuous variable differ significantly across groups. A significance level ($\alpha = 0.05$) was applied, with the null hypothesis stating that no significant differences existed among the groups.

To further investigate observed differences, a post hoc analysis was conducted using Dunn’s test, also implemented in RStudio. This analysis identified pairwise differences in LR distributions among the four categories (High 7, High 8, High 9, and High 10). To control for the increased risk of Type I error due to multiple comparisons, a Bonferroni correction was applied. All post hoc tests were evaluated at the same significance level ($\alpha = 0.05$), with statistical significance determined by adjusted p-values below the corrected threshold.

It was examined whether the LR values calculated for each category aligned with the existing comparison workflow, which stipulates that matches sharing seven loci are considered weaker and must always be validated by DNA laboratories, whereas matches with eight to ten shared loci can be regarded as genuine. Within this framework, matches involving eight or nine loci are additionally flagged as having been formed with a limited number of markers. If the results demonstrate that matches with seven shared loci can yield LR values comparable to those observed in matches with eight to ten loci, this would support the feasibility of adopting LR as an alternative to the current locus-

based approach. Such findings would provide a strong rationale for further research into revising the comparison and inclusion criteria of the Belgian forensic DNA database.

References

1. Dognaux S, Larmuseau MH, Jansen L, Heylen T, Vanderheyden N, Bekaert B, Noel F, Decorte R. Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci and D1S1677 in the Belgian population. *Forensic Sci Int Genet.* 2012 Mar;6(2):e75-7. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.05.003. Epub 2011 Jun 12. PMID: 21664209.
2. <https://CRAN.R-project.org/package=FSA>

3.1.2. Creation of a simulated national DNA database

To investigate the inclusion and comparison criteria used in forensic DNA databases, it was necessary to establish a controlled environment in which these criteria could be systematically examined and modified. The primary objective was to isolate and evaluate the impact of changes in the criteria on the overall efficiency of the DNA database. Previous studies have already noted that relaxing inclusion thresholds allows more DNA profiles, including partial profiles, to be entered into the database. While this increases the number of profiles available for comparison, it also raises the probability of adventitious matches. For this reason, the occurrence of adventitious matches was selected as the key indicator of database efficiency.

Current inclusion and comparison criteria are designed to minimize the risk of misidentifying an adventitious match as genuine. However, these criteria are not infallible. Additionally, in operational databases, it is inherently impossible to determine with absolute certainty whether a match is genuine or coincidental, as this would require definitive knowledge of the biological origin of every DNA sample. To overcome this limitation, a dedicated simulated national DNA database was developed, populated with in-house generated synthetic DNA profiles. By artificially constructing these profiles, it became possible to unambiguously distinguish between genuine and adventitious matches. The synthetic profiles were generated to closely reflect the structure and characteristics of the actual Belgian database, thereby enabling the simulation of realistic forensic scenarios and the production of meaningful, policy-relevant results.

The research was structured into four experimental phases, each designed to explore different aspects of database performance and policy implications:

- **Phase 1:** Creation of a simulated database resembling the current Belgian DNA database in terms of size, structure, and profile composition. This phase served as a baseline for evaluating the effectiveness of existing inclusion and comparison criteria under controlled conditions.
- **Phase 2:** Introduction of additional DNA profiles with a reduced number of loci compared to the current minimum threshold for inclusion. This phase investigated whether the current criteria are overly restrictive and examined whether partial profiles could contribute effectively without significantly increasing the risk of adventitious matches.
- **Phase 3:** Simulation of a future scenario in which the DNA database has grown substantially, potentially reflecting its size a decade from now. This phase assessed how database expansion influences the robustness of current inclusion and comparison criteria.
- **Phase 4:** Combination of the conditions in Phases 2 and 3. A larger database was populated with partial profiles, allowing investigation of the combined effects of database growth and relaxed inclusion thresholds on match reliability and overall efficiency.

Each phase required the generation of specific types of synthetic DNA profiles tailored to the experimental conditions. The flexibility of the test environment enabled systematic variation of parameters and the collection of detailed performance metrics, providing a robust framework for evaluating and optimizing forensic DNA database policies.

3.1.3. In-house generated DNA profiles

Prior to generating synthetic DNA profiles, a representative allele frequency distribution must be selected to ensure population relevance. For Phase 1, allele frequencies were extracted from the Belgian CODIS database, allowing the simulation to accurately replicate the current structure and genetic composition of the national forensic DNA system. On September 3rd, 2024, a data extraction was performed to collect the necessary information from the Belgian DNA database and its 156,033 DNA profiles at the time. A custom script was developed in RStudio to process, analyze, and filter the extracted data. To ensure the reliability of the frequency estimates and to avoid potential biases, the decision was made to include only DNA profiles originating from suspects and convicted offenders. These profiles are more complete and less affected by degradation compared to profiles derived from crime scene stains, which may distort allele frequency distributions due to partial or low-quality data. Additional steps were taken to minimize bias, such as merging multiple profiles belonging to the same individual (clusters) into a single profile and excluding tri-allelic profiles.

To reduce bias in broader simulations (Phases 2–4), frequencies from the currently used Belgian reference population were used instead [1-4]. This choice avoids the overrepresentation of alleles associated with familial clustering in the CODIS database. Familial clustering refers to the phenomenon where multiple individuals from the same family are included in the database due to repeated involvement in criminal investigations. As a result, certain alleles may appear more frequently, not because they are common in the general population, but because they are shared within specific criminally active families. By minimizing this bias, the database offers a more accurate reflection of the broader population's genetic diversity. This methodological choice is further supported by the results of WP3, which demonstrate that the use of either the current Belgian reference population or the CODIS reference population does not significantly affect the statistical calculations (see Section 4.2.1).

References

1. Dognaux S, Larmuseau MH, Jansen L, Heylen T, Vanderheyden N, Bekaert B, Noel F, Decorte R. Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci and D1S1677 in the Belgian population. *Forensic Sci Int Genet.* 2012 Mar;6(2):e75-7. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.05.003. Epub 2011 Jun 12. PMID: 21664209.
2. Decorte R, Engelen M, Larno L, Nelissen K, Gilissen A, Cassiman JJ. Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR profiler PCR amplification kit). *Forensic Sci Int.* 2004 Jan 28;139(2-3):211-3. doi: 10.1016/j.forsciint.2003.11.007. PMID: 15040919.
3. Decorte R, Verhoeven E, Vanhoutte E, Knaepen K, Cassiman JJ. Allele frequency data for 19 short tandem repeats (PowerPlex 16 and FFFI) in a Belgian population sample. *J Forensic Sci.* 2006 Mar;51(2):436-7. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00089.x. PMID: 16566792.
4. Van Hoofstat DE, Deforce DL, Millecamps RE, Brochez VM, Van Geldre EG, Vergauwe A, Sijs A, Van den Eeckhout EG. Population genetic study of four short tandem repeat loci in the Belgian population, using capillary electrophoresis. *Electrophoresis.* 1998 May;19(5):719-22. doi: 10.1002/elps.1150190520. PMID: 9629905.

3.1.3.1. Generating Full DNA profiles

To reliably distinguish genuine matches from adventitious matches within the CODIS test environment, it is essential to know the origin of each DNA profile involved in a match. Because this information is not available in operational forensic databases, a controlled approach was adopted: partial DNA profiles were systematically generated from known full DNA profiles. This procedure enables retrospective verification, once a match is observed between two partial profiles, the corresponding original full profiles can be consulted to determine whether both originated from the same individual or from different sources.

To facilitate this process, a dedicated script was developed in RStudio based on the *simDNAmixtures* package developed by Maarten Kruijver, which allows for the generation of complete DNA profiles. To ensure full traceability between complete and partial profiles, sample names were systematically modified. Each full DNA profile was assigned a unique identifier, while the names of its degraded derivatives included suffixes indicating the number of loci retained after each degradation step. This naming convention ensured a clear and consistent linkage between original and partial profiles.

The script requires two user-defined inputs: (1) the number of full DNA profiles to be generated, and (2) the desired sequence of degradation steps, expressed as the number of loci to retain at each stage. The output is a CSV file containing the requested number of full DNA profiles, with sample names that transparently reflect the planned degradation path.

For example:

- U1_16_13 refers to the first generated full DNA profile (U1) that will be degraded in two steps—first to 16 loci, then to 13 loci.
- U59_16_13 follows the same degradation path but corresponds to the 59th full DNA profile generated.
- U39_21_11 refers to the 39th generated full DNA profile (U39) that will be degraded in two steps—first to 21 loci, then to 11 loci.

3.1.3.2. Collecting dropout data for degradation

When generating partial DNA profiles for the simulated national DNA database, it is essential that the degradation process reflects actual forensic conditions. Importantly, not all loci are equally susceptible to degradation. Scientific studies have demonstrated that DNA degradation is correlated with fragment length: loci with longer amplicons are more likely to degrade and may become undetectable when analyzed with standard STR typing kits [1]. In addition, factors such as sample quantity, PCR conditions, and the specific STR kits employed can significantly influence dropout rates [2–3].

Because the six accredited Belgian forensic laboratories have used a variety of STR typing kits over the years, relying solely on kit-specific dropout information would introduce considerable complexity and variability. To address this, a robust and representative in-house dropout model was developed, based on empirical data extracted from the Belgian CODIS database on 3 September 2024. To refine dropout estimates, distinctions were made between single-source and mixed DNA profiles, as well as between profiles collected across different time periods. In particular, profiles from the most recent five years were analyzed separately. This decision reflects the substantial evolution of STR typing kits since the establishment of the Belgian DNA database in the 1990s, modern kits include more loci and provide

improved sensitivity and accuracy. Accordingly, for the simulations in Phase 3, which explore future-oriented scenarios, dropout data from the past five years were used.

In Phase 2, DNA profiles containing 5 to 9 loci were introduced into the CODIS test environment. As noted, DNA degradation is correlated with fragment length, resulting in a different distribution of loci in these lower-marker profiles. Under current Belgian inclusion criteria, profiles with fewer than 10 markers are accepted only if they contain at least five of the seven loci from the original ESS set. Based on this rule, 1,492 eligible DNA profiles were identified.

From this dataset, locus occurrence was analyzed to determine dropout patterns. As an additional validation step, the results were compared with data from a published study examining 4,228 single partial DNA profiles containing 5 to 9 loci [4]. Most findings were consistent, although three loci showed differences likely attributable to the use of a different STR analysis kit. Despite the limited number of data points, the dropout data derived from the Belgian DNA database were ultimately adopted, as they are considered more representative of partial DNA profiles in the local forensic context.

These data are regarded as more reflective of current and future forensic practice in Belgium and therefore provide a realistic basis for simulating degradation patterns in modern DNA profiles.

References

1. Mortera, J. (2020). *DNA mixtures in forensic investigations: The statistical state of the art. Annual Review of Statistics and Its Application*, 7, 111-142.
2. Gill P, Haned H, Bleka O, Hansson O, Dørum G, Egeland T. *Genotyping and interpretation of STR-DNA: Low-template, mixtures and database matches-Twenty years of research and development. Forensic Sci Int Genet.* 2015 Sep;18:100-17. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.03.014. Epub 2015 Mar 27. PMID: 25866376.
3. Butler. "Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation." ScienceDirect, 2014, www.sciencedirect.com/book/9780124052130/advanced-topics-in-forensic-dna-typing-interpretation.
4. Hicks T, Taroni F, Curran J, Buckleton J, Ribaux O, Castella V. *Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part I. Partial SGM Plus profiles. Forensic Sci Int Genet.* 2010 Jul;4(4):232-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.10.002. Epub 2009 Nov 3. PMID: 20457051.

3.1.3.3. Number of profiles to generate

Once the dropout characteristics were established, partial DNA profiles were generated according to the distribution observed in the current Belgian forensic DNA database. Data extracted in September 2024 were used to analyze profile counts and match structures, distinguishing between historical profiles and those recorded in the past five years. This temporal distinction reflects the evolution of STR typing kits, with recent kits offering improved sensitivity and robustness. Consequently, data from recent profiles were used in Phase 3 to simulate future-oriented scenarios. Match structures were modeled based on observed patterns, with clusters limited to a maximum of five profiles, representing 97.4% of all matches in the actual database. Due to limited empirical data on profiles with fewer than 10 loci, Phase 2 involved generating 10,000 non-matching profiles per locus class and simulating matches using a custom RStudio script.

The simulation was structured in four phases:

- **Phase 1:** 153,835 profiles with ≥ 10 loci, representing the current Belgian DNA database
- **Phase 2:** Addition of 58,684 profiles with < 10 loci to Phase 1, resulting in a test environment of 212,519 profiles
- **Phase 3:** Addition of 150,000 recent profiles with ≥ 10 loci to Phase 1, yielding a test environment of 303,835 profiles

- **Phase 4:** Integration of all previous phases, resulting in a comprehensive test environment of 362,519 profiles, supporting evaluation of both database growth and the inclusion of partial profiles

This multi-phase approach ensures a statistically robust and operationally relevant simulation of the Belgian forensic DNA database.

3.1.3.4. Creating Partial Profiles

Once the full DNA profiles had been generated and a dropout model established, partial profiles were systematically derived from the known complete profiles. This approach enables retrospective verification: when a match is observed between two partial profiles, the corresponding original full profiles can be consulted to determine whether they originated from the same individual or from different individuals. As a result, the simulated environment allows for the creation of both genuine matches, derived from the same biological source, and adventitious matches between unrelated profiles.

To simulate non-matching profiles, a single partial profile was generated from each full DNA profile using predefined dropout probabilities (see Figure 1).

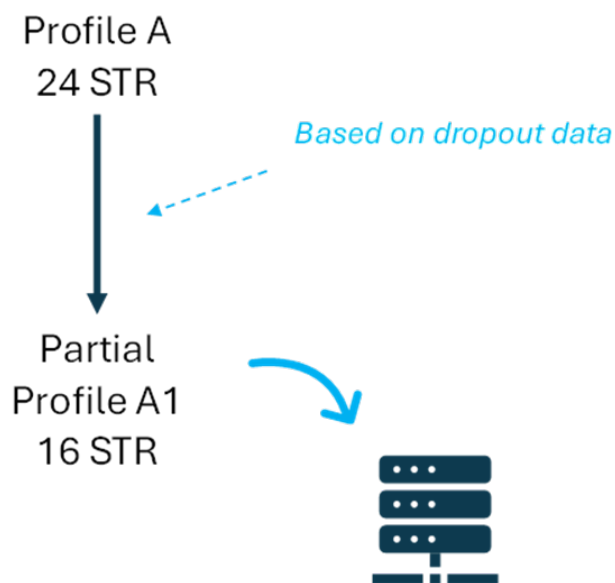


Figure 1: Workflow for non-matching DNA profiles

Profile A, a full DNA profile containing 24 STR markers, is degraded into a partial version (Profile A1) with 16 STR markers based on the applied dropout data. Since only the partial profile A1 is entered into the simulated test environment, and no corresponding full profile is present, it represents a non-matching DNA profile. Any other profile matching partial profile A1 is automatically an adventitious match.

For genuine matches, a sequential degradation approach was applied (see Figure 2). Starting from a full profile, two or more partial profiles were created in successive steps, ensuring controlled overlap in retained loci.

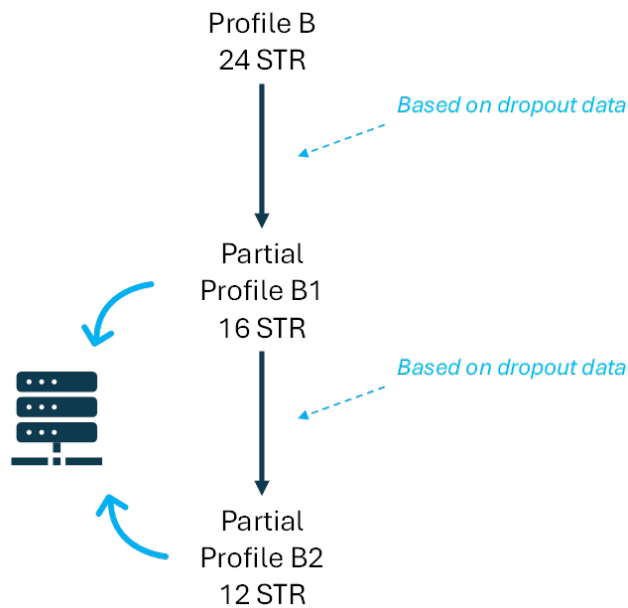


Figure 2: Workflow for matching DNA profiles

Profile B, a full DNA profile containing 24 STR markers, is first degraded into a partial version (Profile B1) with 16 markers based on the applied dropout data. A second degradation step is then performed on Profile B1, resulting in Profile B2 with 12 STR markers. Since both B1 and B2 are entered into the simulated test environment and originate from the same source, they constitute a genuine match. Any other profiles matching to either profile is automatically an adventitious match.

The degradation process is guided by a user-defined degradation path. Based on the input parameters, the script determines the target number of loci to which each profile must be reduced. The first degradation step is stochastic: for each locus in the profile, a random number between 0 and 1 is generated. If this value falls below the locus-specific retention probability, the locus is retained; otherwise, it is removed.

Because this procedure is probabilistic, the resulting partial profile may not contain the exact number of loci required. To correct for this, a second adjustment step is implemented in the script. If too few loci remain, additional loci are added according to their retention probabilities, with loci that have higher retention rates being more likely to be selected. Conversely, if too many loci remain, excess loci are removed, prioritizing those with lower retention probabilities. This two-step approach ensures that the final profile meets the specified number of loci while preserving a realistic degradation pattern.

As previously described, each full DNA profile is assigned a unique identifier, and the identifiers of its degraded derivatives reflect the sequence of degradation steps applied. This naming convention guarantees traceability between complete and partial profiles throughout the simulation process.

For example:

- U1_16_15_A: suffix A indicates the first degradation to 16 loci
- U1_16_15_B: suffix B indicates the second degradation to 15 loci
- U123_16_15_12_12_11_D: suffix D indicates the second profile with 12 loci corresponding to the fourth degradation step

This naming system enables clear tracking of the degradation history and also allows rapid identification of whether a match originates from the same biological source or from different full profiles. Genuine matches share the same base identifier, while adventitious matches differ in origin, even if their degradation paths appear similar.

Examples:

- Genuine match:
U23_16_15_A matches with U23_16_15_B
→ Both profiles trace back to the same original profile (U23_16_15), indicating a genuine match.
- Adventitious match:
U8_23_20_15_11_D matches with U23_16_15_B
→ Different origins indicate a coincidental match.
- Adventitious match despite similar degradation:
U817_16_15_A matches with U23_16_15_B
→ Same degradation path, but different sources confirm an adventitious match.

3.1.4. Statistical Calculations

3.1.4.1. Random Match Probability

Using an in-house generated RStudio script, RMP values were calculated for all DNA profiles across each phase of the study, and the number of rare alleles per profile was recorded.

The calculations for RMP are derived from the frequencies of the alleles at the examined loci, using the following formulas:

- For homozygous alleles: $RMP = p^2 + p \times (1 - p) \times \theta$
- For heterozygous alleles: $RMP = 2 \times p \times q$

In these equations, p represents the frequency of allele 1 at the locus, and q represents the frequency of allele 2. Theta (θ) is a correction factor used in forensic DNA analysis to account for population substructure and potential inbreeding effects. Population substructure refers to the presence of genetically distinct subgroups within a population, often resulting from geographic, social, or historical separation [1]. For the Belgian population, a θ value of 0.01 is applied, reflecting a moderate level of such genetic structuring. A θ value of zero would indicate no substructure, while a value of 0.05 represents a higher degree of substructure or inbreeding, typically seen in small or isolated populations. By multiplying the RMP values across all relevant loci in the DNA profile, a cumulative RMP is obtained. This final statistic offers a robust indication of the probability that a random individual in the population could possess a DNA profile that matches the one under investigation.

For alleles lacking empirical data, a minimum frequency was assigned in order to be able to calculate the statistical calculations (RMP and LR). These frequencies were calculated using the standard formula:

Minimum frequency= $5/2N$,

where N represents the number of individuals in the population sample for the relevant locus.

To maintain clarity and focus, this study concentrated exclusively on the "minimum of 10 loci" inclusion criterion for comparison with the RMP analysis. The alternative criterion, requiring the presence of 5 out of the 7 original European Standard Set (ESS) markers, was not considered in this phase, as identifying and selecting profiles that meet this condition would significantly increase the complexity of the study. Additionally, the Belgian DNA database contains fewer than 1,500 profiles with 5 to 9 loci that meet the ESS criterion, meaning that excluding this group results in minimal data loss.

The RMP results will be analysed to assess whether an appropriate threshold can be established to prevent the inclusion of low-informative DNA profiles and thereby maintain the efficiency of the DNA database.

References

1. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141

3.1.4.2. Likelihood Ratio

All profiles were uploaded into the CODIS test environment, where an automated search was performed. In accordance with CODIS matching criteria, only profiles sharing five or more loci were considered potential hits. To eliminate the influence of mutational variation, the mutation rate was set to zero across all loci. Following the autosearch, the resulting data were extracted and analysed. To evaluate the effectiveness of Likelihood Ratio (LR) values in distinguishing genuine from adventitious matches, LR calculations were performed for all potential hits in the CODIS test environment using an in-house automated RStudio script. This approach enhanced both efficiency and consistency, while also recording the number of rare alleles shared per match.

The Likelihood Ratio (LR) is a statistical method used to evaluate forensic evidence, such as potential DNA matches, by comparing how likely the observed data is under two competing hypotheses. The prosecution hypothesis (H1) assumes that the DNA profiles originate from the same individual, while the defense hypothesis (H2) posits that they come from two different, unrelated individuals. The LR quantifies the strength of the evidence by expressing how much more likely the data is under H1 than under H2.

The LR is expressed as: $LR = \Pr(E|H1)/\Pr(E|H2)$

- $\Pr(E|H1)$ is the probability of observing the DNA evidence if both profiles come from the same person.
- $\Pr(E|H2)$ is the probability of observing the DNA evidence if the profiles come from different individuals.

For DNA evidence, the calculation of LR is closely related to the Random Match Probability (RMP) and can be simplified as:

$$LR = 1/RMP$$

However, instead of focusing on the allele frequencies of a single profile, the LR uses the shared alleles between two profiles, directly comparing how likely the match is under each hypothesis [1-4].

The LR results will be analysed to assess whether an appropriate threshold can be established to reduce the risk of misclassifying adventitious matches as genuine, thereby maintaining the efficiency of the DNA database.

References

1. Mortera, J. (2020). *DNA mixtures in forensic investigations: The statistical state of the art*. *Annual Review of Statistics and Its Application*, 7, 111-142.
2. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141
3. ENFSI DNA Working Group. (2019). *DNA database management: Review and recommendations*. <https://enfsi.eu/wp-content/uploads/2021/09/ENFSI-DOCUMENT-ON-DNA-DATABASE-MANAGEMENT-2019.pdf>
4. Gill P, Haned H, Bleka O, Hansson O, Dørum G, Egeland T. *Genotyping and interpretation of STR-DNA: Low-template, mixtures and database matches-Twenty years of research and development*. *Forensic Sci Int Genet*. 2015 Sep;18:100-17. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.03.014. Epub 2015 Mar 27. PMID: 25866376.

3.2. Work package 3: Choice of the reference population (allelic frequencies) to use in order to interpret a match between two genetic profiles

To review the Belgian reference population established in 2012, a new allele frequency dataset representative of the Belgian population was required for comparison.

One potential source of such data could be biobanks, including blood banks, sperm banks, or paternity testing records. However, extracting data from these sources would involve extensive privacy legislation and ethical considerations, and was therefore not included in this study.

An easily accessible alternative is the STRidER online database. STRidER is a curated reference database designed to support forensic genetics by providing high-quality allele frequency data for STR markers across diverse populations. It enables robust estimation of genotype probabilities and facilitates quality control in autosomal STR analysis, thereby ensuring consistency and reliability in forensic DNA interpretation [1]. However, the representation of Belgium within STRidER is limited (N = 206), even smaller than the currently used Belgian reference population. Consequently, the decision was made to perform a comparison with the European STRidER dataset (N ≈ 7,000). While this approach is not ideal; there is no scientific consensus that combining populations from 19 different countries into a single “European” dataset provides a valid representation; it was selected due to its accessibility and free availability.

Another readily available source is the Belgian forensic DNA database itself, which contains profiles from the criminal population. On 3 September 2024, a data extraction was performed, yielding 156,033 DNA profiles. A custom script was developed in RStudio to process, analyze, and filter the

data. To ensure reliability and minimize bias, only profiles originating from suspects and convicted offenders were included, as these are derived directly from the person and are generally more complete and less affected by degradation than crime scene samples. Additional steps were taken to reduce bias: duplicate profiles from the same individual (due to repeated sampling) were merged into a single representative profile, and tri-allelic profiles were excluded to avoid distortion of allele frequency distributions. The final dataset comprised 77,890 DNA profiles, forming a detailed allele frequency table representative of the Belgian CODIS system. Despite these precautions, certain biases could not be eliminated, such as the presence of criminal families. In some cases, multiple related individuals are included in the database due to shared involvement in criminal activity. Because genetic markers are inherited, this may lead to an overrepresentation of alleles common within those families but rare in the general population. As a result, allele frequencies derived from CODIS may not fully reflect the broader Belgian population.

This newly derived allele frequency dataset provided the statistical foundation for a direct comparison with the Belgian reference population set up in 2012. It was also used to generate artificial DNA profiles that are realistic and representative, specifically for Phase 1 of the simulated national DNA database. In this context, the familial clustering effect is not problematic, as the objective of Phase 1 was to replicate the Belgian CODIS database as it currently exists.

Ultimately, the current Belgian reference population was compared to the Belgian criminal population extracted from CODIS and to the European STRidER dataset. This comparison aimed to identify variations in allele frequencies between populations and to evaluate whether the 2012 Belgian reference population remains representative for the country. In addition, the study examined whether the choice of reference population, Belgian reference versus Belgian criminal population, affects statistical calculations such as the LR.

Additionally, scientific literature and case studies have consistently demonstrated that allele frequencies can vary substantially across populations [2-5]. To investigate this, allele frequency data from 166 populations were compiled from a wide range of scientific publications [2-3, 6–142]. This comprehensive dataset formed the basis for the development of the *NICC / INCC Frequency Calculator*, a tool designed to compare DNA profiles across multiple populations.

When a DNA profile is entered, the tool automatically retrieves the relevant allele frequencies from the selected populations and calculates the RMP for each, based on their respective frequency distributions. In addition, the tool highlights rare alleles and frequency differences between populations, thereby identifying whether an allele considered rare in one population may be common in another. This functionality enables rapid assessment of how population-specific allele frequency differences influence RMP values.

To explore whether STR data could be used to estimate the likely geographic origin of a DNA profile, each population was assigned a score based on three criteria: the calculated RMP, the number of alleles present in the profile, and the proportion of rare alleles. These scores were then used to identify the ten populations with the highest score. Based on the geographic origin of these top ten populations, a global estimation was made to infer the likely ancestry of the DNA profile across six major regions: Europe, North Africa, Sub-Saharan Africa, East Asia and Oceania, West Asia, North America, and Latin America and the Caribbean.

Using the same dataset compiled for the *NICC / INCC Frequency Calculator*, an additional program, the *Rare Allele Finder*, was developed. This tool allows users to search for specific alleles at a given locus and determine whether they are rare or common, based on a user-defined threshold. The Rare Allele Finder will be applied to analyze potential differences in allele frequencies between the current Belgian reference population and the Belgian criminal reference population. In particular, it will help assess whether the absence of certain alleles in one dataset may be explained by the underrepresentation of specific subpopulations within Belgium.

References

1. Bodner M., Bastisch, I., Butler, J.M., Fimmers, R., Gill, P., Gusmão, L., Morling, N., Phillips, C., Prinz, M., Schneider, P.M., Parson, W. (2016), 'Recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on quality control of autosomal Short Tandem Repeat allele frequency databasing (STRidER).', *Forensic Sci. Int. Genet.* 24, 97-102
2. National Research Council (US) Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. Washington (DC): National Academies Press (US); 1996. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK232610/> doi: 10.17226/5141
3. Jessica Perry et al, English and Irish population comparison using STR markers: Insights into genetic disparities and historical influences, *Forensic Science International: Reports*, Volume 8, 2023, 100334, ISSN 2665-9107, <https://doi.org/10.1016/j.fsr.2023.100334>
4. Zeye MMJ, Ouedraogo SY, Bado P, Zoure AA, Djigma FW, Wu X, Simpore J. Forensic autosomal and gonosomal short tandem repeat marker reference database for populations in Burkina Faso. *Sci Rep.* 2024 Mar 28;14(1):7369. doi: 10.1038/s41598-024-58179-4. PMID: 38548827; PMCID: PMC10979005.
5. Butler. "Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation." ScienceDirect, 2014, www.sciencedirect.com/book/9780124052130/advanced-topics-in-forensic-dna-typing-interpretation.
6. Duncan Taylor, Jo-Anne Bright, Catherine McGovern, Sharon Neville, Denise Grover, Allele frequency database for GlobalFiler™ STR loci in Australian and New Zealand populations, *Forensic Science International: Genetics*, Volume 28, 2017, Pages e38-e40, ISSN 1872-4973, <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.02.012>.
7. He G, Wang Z, Wang M, Zou X, Liu J, Wang S, Hou Y. Genetic variations and forensic characteristics of Han Chinese population residing in the Pearl River Delta revealed by 23 autosomal STRs. *Mol Biol Rep.* 2018 Oct;45(5):1125-1133. doi: 10.1007/s11033-018-4264-y. Epub 2018 Jul 18. PMID: 30022462.
8. Wang Y, Chen F, Fu Y, Zhang S, Zhang H, Lai M, Xu E. Genetic polymorphisms of 19 autosomal STR loci in 3510 individuals from Han population of Zhejiang province, Southeast China. *Forensic Sci Int.* 2020 Jan;306:110045. doi: 10.1016/j.forsciint.2019.110045. Epub 2019 Nov 6. PMID: 31751867.
9. Wang Z, Song M, Lyu Q, Ying J, Wu Q, Song F, Jiang L, Wei X, Wang S, Wang F, Zhou Y, Song X, Luo H. A forensic population database of autosomal STR and X-STR markers in the Qiang ethnic minority of China. *Heliyon.* 2023 Nov 7;9(11):e21823. doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e21823. PMID: 38034634; PMCID: PMC10685182.
10. Huang Y, Yao J, Li J, Wen J, Yuan X, Xu B. Population genetic data for 17 autosomal STR markers in the Hani population from China. *Int J Legal Med.* 2015 Sep;129(5):995-6. doi: 10.1007/s00414-015-1176-4. Epub 2015 Mar 28. PMID: 25821201.
11. Souto L, Alves C, Gusmão L, Ferreira E, Amorim A, Côrte-Real F, Vieira DN. Population data on 15 autosomal STRs in a sample from East Timor. *Forensic Sci Int.* 2005 Dec 1;155(1):77-80. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.01.002. PMID: 16216715.
12. Lin SW, Lam TT, Ip SCY. Population data of 23 autosomal STR loci in Hong Kong Chinese. *Forensic Sci Int Genet.* 2019 Mar;39:e24-e25. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.11.018. Epub 2018 Nov 27. PMID: 30503808.
13. Shepard EM, Chow RA, Suafo'a E, Addison D, Pérez-Miranda AM, Garcia-Bertrand RL, Herrera RJ. Autosomal STR variation in five Austronesian populations. *Hum Biol.* 2005 Dec;77(6):825-51. doi: 10.1353/hub.2006.0019. PMID: 16715840.
14. Tie J, Wang X, Oxida S. Genetic polymorphisms of 15 STR loci in a Japanese population. *J Forensic Sci.* 2006 Jan;51(1):188-9. doi: 10.1111/j.1556-4029.2005.00037.x. PMID: 16423249.
15. Ozeki M, Tamaki K. Allele frequencies of 37 short tandem repeat loci in a Japanese population. *Leg Med (Tokyo).* 2013 Nov;15(6):342-6. doi: 10.1016/j.legalmed.2013.08.006. Epub 2013 Sep 8. PMID: 24112991.
16. Than KZ, Muisuk K, Woravatin W, Suwannapoom C, Srikumool M, Srithawong S, Lorphengsy S, Kutanan W. Genetic Structure and Forensic Utility of 23 Autosomal STRs of the Ethnic Lao Groups From Laos and

- Thailand. *Front Genet.* 2022 Jul 7;13:954586. doi: 10.3389/fgene.2022.954586. PMID: 35873476; PMCID: PMC9300924.
17. Rashid MNA, Mahat NA, Khan HO, Wahab RA, Maarof H, Ismail D, Alwi AR, SyedHassan SR. Population data of 21 autosomal STR loci in Malaysian populations for human identification. *Int J Legal Med.* 2020 Sep;134(5):1675-1678. doi: 10.1007/s00414-020-02279-z. Epub 2020 Mar 28. PMID: 32222814.
18. Forensic and population genetic analyses of the GlobalFiler STR loci in the Mongolian population - *Genes & Genomics* Choi et al. <https://link.springer.com/article/10.1007/s13258-016-0511-6>
19. Tayawee Romgaew, Sunisa Aobaom, Allele frequencies of 15 autosomal STR loci among 540 Myanmar individuals in Thailand, *Forensic Science International: Reports*, Volume 6, 2022, 100282, ISSN 2665-9107, <https://doi.org/10.1016/j.fsisr.2022.100282>.
20. Rodriguez JJ, Salvador JM, Calacal GC, Laude RP, De Ungria MC. Allele frequencies of 23 autosomal short tandem repeat loci in the Philippine population. *Leg Med (Tokyo).* 2015 Jul;17(4):295-7. doi: 10.1016/j.legalmed.2015.02.005. Epub 2015 Mar 14. PMID: 25804725.
21. Yoo SY, Cho NS, Park MJ, Seong KM, Hwang JH, Song SB, Han MS, Lee WT, Chung KW. A large population genetic study of 15 autosomal short tandem repeat loci for establishment of Korean DNA profile database. *Mol Cells.* 2011 Jul;32(1):15-9. doi: 10.1007/s10059-011-2288-4. Epub 2011 May 16. PMID: 21597912; PMCID: PMC3887661.
22. Kampuansai J, Völgyi A, Kutanan W, Kangwanpong D, Pamjav H. Autosomal STR variations reveal genetic heterogeneity in the Mon-Khmer speaking group of Northern Thailand. *Forensic Sci Int Genet.* 2017 Mar;27:92-99. doi: 10.1016/j.fsigen.2016.11.008. Epub 2016 Nov 28. PMID: 28012377.
23. N. Boonderm, D. Suriyanratakorn, S. Sangpueng, N. Onthong, A. Nettakul, W. Waiyawuth, Population genetic data of 21 STR markers in Thais of southern border provinces of Thailand, *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, Volume 6, 2017, Pages e523-e525, ISSN 1875-1768, <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2017.09.205>.
24. Regueiro M, Mirabal S, Lacau H, Caeiro JL, Garcia-Bertrand RL, Herrera RJ. Austronesian genetic signature in East African Madagascar and Polynesia. *J Hum Genet.* 2008;53(2):106-120. doi: 10.1007/s10038-007-0224-4. Epub 2007 Dec 14. PMID: 18080086.
25. The First Autosomal STR Population Data of Kinh Ethnic Group in Vietnam by Using Massively Parallel Sequencing. Pham et al. <https://openurl.ebsco.com/EPDB%3Aqcd%3A9%3A2552089/detailv2?sid=ebsco%3Aplink%3Ascholar&id=ebsco%3Aqcd%3A152172314&crl=c>
26. Dung Pham P, Luc Hoang T, Tra Le K, Thi Le P, Ngoc Nguyen N, Linh Tran H, Hung Nguyen M, Minh Tran D, Hoang H. The first data of allele frequencies for 23 autosomal STRs in the Ede ethnic group in Vietnam. *Leg Med (Tokyo).* 2022 Jul;57:102072. doi: 10.1016/j.legalmed.2022.102072. Epub 2022 Apr 16. PMID: 35461037.
27. Kubat M, Skavić J, Behluli I, Nuraj B, Bekteshi T, Behluli M, Klarić IM, Perić M. Population genetics of the 15 AmpF ISTR Identifier loci in Kosovo Albanians. *Int J Legal Med.* 2004 Apr;118(2):115-8. doi: 10.1007/s00414-004-0430-y. Epub 2004 Jan 23. PMID: 14740227.
28. Hölzl-Müller P, Bodner M, Berger B, Parson W. Exploring STR sequencing for forensic DNA intelligence databasing using the Austrian National DNA Database as an example. *Int J Legal Med.* 2021 Nov;135(6):2235-2246. doi: 10.1007/s00414-021-02685-x. Epub 2021 Aug 26. PMID: 34436655; PMCID: PMC8523457.
29. Tsybovskii IS, Veremeichik VM, Kotova SA, Kritskaya SV, Evmenenko SA, Udina IG. Developing forensic reference database by 18 autosomal STR for DNA identification in Republic of Belarus. *Genetika.* 2017 Feb;53(2):249-58. Russian. PMID: 29372974.
30. Pilav A, Pojskić N, Ahatović A, Džehverović M, Čakar J, Marjanović D. Allele frequencies of 15 STR loci in Bosnian and Herzegovinian population. *Croat Med J.* 2017 Jun 14;58(3):250-256. doi: 10.3325/cmj.2017.58.250. PMID: 28613042; PMCID: PMC5470122.
31. Allelic Frequencies and Statistical Parameters Determination, for 16 Autosomal STR Markers Included in the NGM Detect™ PCR Amplification Kit, for the Bulgarian Population Iliev et al. <https://www.hilarispublisher.com/abstract/allelic-frequencies-and-statistical-parameters-determination-for-16-autosomal-str-markers-included-in-the-ngm-detect-pcr-99267.html>
32. Curic G, Gasic V, Pluzaric V, Smiljic D. Genetic parameters of five new European Standard Set STR loci (D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656, D12S391) in the population of eastern Croatia. *Croat Med J.* 2012 Oct;53(5):409-15. doi: 10.3325/cmj.2012.53.409. PMID: 23100202; PMCID: PMC3496899.

33. Gurkan C, Demirdov DK, Yamaci RF, Sevay H. Population genetic data for 15 autosomal STR markers in Turkish Cypriots from Cyprus. *Forensic Sci Int Genet*. 2015 Jan;14:e1-3. doi: 10.1016/j.fsigen.2014.09.004. Epub 2014 Sep 16. PMID: 25270185.
34. Cariolou MA, Manoli P, Demetriou N, Bashiardes E, Karagrigoriou A, Budowle B. Allele distribution of 15 STR loci used for human identity purposes in the Greek Cypriot population of the island of Cyprus. *Forensic Sci Int*. 2006 Dec 1;164(1):75-8. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.10.002. Epub 2005 Nov 17. PMID: 16298097.
35. Simková H, Faltus V, Marvan R, Pexa T, Stenzl V, Broucek J, Horínek A, Mazura I, Zvárová J. Allele frequency data for 17 short tandem repeats in a Czech population sample. *Forensic Sci Int Genet*. 2009 Dec;4(1):e15-7. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.01.003. Epub 2009 Feb 13. PMID: 19948313.
36. Tomas C, Mogensen HS, Friis SL, Hallenberg C, Stene MC, Morling N. Concordance study and population frequencies for 16 autosomal STRs analyzed with PowerPlex® ESI 17 and AmpFℓSTR® NGM SElect™ in Somalis, Danes and Greenlanders. *Forensic Sci Int Genet*. 2014 Jul;11:e18-21. doi: 10.1016/j.fsigen.2014.04.004. Epub 2014 Apr 18. PMID: 24810256.
37. Sadam M, Tasa G, Tiidla A, Lang A, Axelsson EP, Pajnič IZ. Population data for 22 autosomal STR loci from Estonia. *Int J Legal Med*. 2015 Nov;129(6):1219-20. doi: 10.1007/s00414-014-1089-7. Epub 2014 Oct 7. PMID: 25286872.
38. Delest A, Godfrin D, Chantrel Y, Ulus A, Vannier J, Faivre M, Hollard C, Laurent FX. Sequenced-based French population data from 169 unrelated individuals with Verogen's ForenSeq DNA signature prep kit. *Forensic Sci Int Genet*. 2020 Jul;47:102304. doi: 10.1016/j.fsigen.2020.102304. Epub 2020 May 7. PMID: 32417726.
39. Sánchez-Diz P, Menounos PG, Carracedo A, Skitsa I. 16 STR data of a Greek population. *Forensic Sci Int Genet*. 2008 Sep;2(4):e71-2. doi: 10.1016/j.fsigen.2008.01.002. Epub 2008 Mar 14. PMID: 19083833.
40. Rak SÁ, Zalán A, Szabados G, Pamjav H. Population genetic data on 15 STR loci in the Hungarian population. *Forensic Sci Int Genet*. 2011 Nov;5(5):543-4. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.12.001. Epub 2010 Jan 7. PMID: 20457060.
41. Jessica Perry, Sharlize Pedroza Matute, Stephen Cummings, Tasnim Munshi, Sasitaran Iyavoo, English and Irish population comparison using STR markers: Insights into genetic disparities and historical influences, *Forensic Science International: Reports*, Volume 8, 2023, 100334, ISSN 2665-9107, <https://doi.org/10.1016/j.fsir.2023.100334>.
42. Turrina S, Ferrian M, Caratti S, De Leo D. Evaluation of genetic parameters of 22 autosomal STR loci (PowerPlex® Fusion System) in a population sample from Northern Italy. *Int J Legal Med*. 2014 Mar;128(2):281-3. doi: 10.1007/s00414-013-0934-4. Epub 2013 Nov 2. PMID: 24185983.
43. Carboni I, Nutini AL, Porfirio B, Genuardi M, Ricci U. Genetic STRs variation in a large population from Tuscany (Italy). *Forensic Sci Int Genet*. 2007 Dec;1(3-4):e10-1. doi: 10.1016/j.fsigen.2007.06.005. Epub 2007 Jul 23. PMID: 19083764.
44. Brisighelli F, Capelli C, Boschi I, Garagnani P, Lareu MV, Pascali VL, Carracedo A. Allele frequencies of fifteen STRs in a representative sample of the Italian population. *Forensic Sci Int Genet*. 2009 Mar;3(2):e29-30. doi: 10.1016/j.fsigen.2008.05.002. Epub 2008 Jun 20. PMID: 19215862.
45. Jemeljanova V, Gobrusjonoka O, Bergere O, Latisheva K, Podovšovnik Axelsson E, Zupanič Pajnič I. Population data for 15 autosomal STR loci from Latvia. *Int J Legal Med*. 2015 Jul;129(4):739-40. doi: 10.1007/s00414-015-1205-3. Epub 2015 May 29. PMID: 26021474.
46. M. Caplinskiene, A. Pauliukevicius, R. Baranoviene, J. Jankauskiene, J. Kukiene, K. Savanevskyte, D. Bunokiene, G. Ruzgaite, Forensic application of autosomal STR analysis in Lithuanian population, *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, Volume 3, Issue 1, 2011, Pages e562-e564, ISSN 1875-1768, <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2011.10.022>.
47. Cassar M, Farrugia C, Vidal C. Allele frequencies of 14 STR loci in the population of Malta. *Leg Med (Tokyo)*. 2008 May;10(3):153-6. doi: 10.1016/j.legalmed.2007.09.004. Epub 2007 Nov 26. PMID: 18039589.
48. Agnieszka Parys-Proszek, Tomasz Kupiec, Paulina Wolańska-Nowak, Wojciech Branicki, Genetic variation of 15 autosomal STR loci in a population sample from Poland, *Legal Medicine*, Volume 12, Issue 5, 2010, Pages 246-248, ISSN 1344-6223, <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2010.05.002>.
49. Cabezas Silva R, Ribeiro T, Lucas I, Porto MJ, Costa Santos J, Dario P. Analysis of 17 STR data on 5362 southern Portuguese individuals-an update on reference database. *Forensic Sci Int Genet*. 2016 Mar;21:e10-2. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.11.007. Epub 2015 Nov 22. PMID: 26651434.
50. Anghel A, Enache A, Seclaman E, Gruin G, Ursoniu S, Alexa A, Antonescu M, Marian C. Genetic polymorphism data on 15 autosomal STR markers in a Western Romanian population sample. *Leg Med (Tokyo)*. 2014 Jul;16(4):238-40. doi: 10.1016/j.legalmed.2014.04.001. Epub 2014 Apr 13. PMID: 24767967.
51. Stepanov VA, Melnikov AV, Lash-Zavada AY, Kharkov VN, Borinskaya SA, Tyazhelova TV, Zhukova OV, Schneider YV, Shil'nikova IN, Puzyrev VP, Rybakova AA, Yankovsky NK. Genetic variability of 15 autosomal

- STR loci in Russian populations. *Leg Med (Tokyo)*. 2010 Sep;12(5):256-8. doi: 10.1016/j.legalmed.2010.05.006. Epub 2010 Jul 13. PMID: 20630785.
52. Takić Miladinov D, Vasiljević P, Šorgić D, Podovšovnik Axelsson E, Stefanović A. Allele frequencies and forensic parameters of 22 autosomal STR loci in a population of 983 individuals from Serbia and comparison with 24 other populations. *Ann Hum Biol*. 2020 Dec;47(7-8):632-641. doi: 10.1080/03014460.2020.1846784. Epub 2020 Nov 23. PMID: 33148044.
53. Soták M, Petrejčíková E, Bernasovská J, Bernasovský I, Sovicová A, Boronová I, Svicková P, Bôžiková A, Gabriková D. Genetic variation analysis of 15 autosomal STR loci in Eastern Slovak Caucasian and Romany (Gypsy) population. *Forensic Sci Int Genet*. 2008 Dec;3(1):e21-5. doi: 10.1016/j.fsigen.2008.04.002. Epub 2008 May 20. PMID: 19083857.
54. Barrio PA, Martín P, Alonso A, Müller P, Bodner M, Berger B, Parson W, Budowle B; DNASEQEX Consortium. Massively parallel sequence data of 31 autosomal STR loci from 496 Spanish individuals revealed concordance with CE-STR technology and enhanced discrimination power. *Forensic Sci Int Genet*. 2019 Sep;42:49-55. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.06.009. Epub 2019 Jun 14. PMID: 31252251.
55. Montelius K, Karlsson AO, Holmlund G. STR data for the AmpFISTR Identifiler loci from Swedish population in comparison to European, as well as with non-European population. *Forensic Sci Int Genet*. 2008 Jun;2(3):e49-52. doi: 10.1016/j.fsigen.2007.12.005. Epub 2008 Feb 14. PMID: 19083816.
56. Zieger M, Utz S. A "forensic biobank" to establish comprehensive genetic frequency data for Switzerland. *Forensic Sci Int Genet*. 2019 May;40:46-51. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.02.004. Epub 2019 Feb 5. PMID: 30739831.
57. Poetsch M, von Wurmb-Schwark N. Allele frequencies for the 16 short tandem repeats of the Powerplex ESX17 kit in a population from Turkey. *Int J Legal Med*. 2013 May;127(3):591-2. doi: 10.1007/s00414-013-0846-3. Epub 2013 Mar 20. PMID: 23512526.
58. Serga SV, Dombrovskiy IV, Maistrenko OM, Ostapchenko LI, Demydov SV, Krivda RG, Kozeretska IA. Allele frequencies for 15 STR loci in the Ukrainian population. *Forensic Sci Int Genet*. 2017 Jul;29:e40-e41. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.05.004. Epub 2017 May 10. PMID: 28527837.
59. Abdeli A, Benhassane T. Genetic diversity of 15 autosomal STRs in a sample of Berbers from Aurès region in the Northeast of Algeria and genetic relationships with other neighbouring samples. *Ann Hum Biol*. 2020 May;47(3):284-293. doi: 10.1080/03014460.2020.1736628. Epub 2020 Mar 18. PMID: 32183545.
60. Bosch E, Clarimón J, Pérez-Lezaun A, Calafell F. STR data for 21 loci in northwestern Africa. *Forensic Sci Int*. 2001 Feb 1;116(1):41-51. doi: 10.1016/s0379-0738(00)00344-3. PMID: 11118752.
61. Coudray C, Guitard E, el-Chennawi F, Larrouy G, Dugoujon JM. Allele frequencies of 15 short tandem repeats (STRs) in three Egyptian populations of different ethnic groups. *Forensic Sci Int*. 2007 Jul 4;169(2-3):260-5. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.03.017. Epub 2006 May 4. PMID: 16678370.
62. Khodjet-el-Khil H, Fadhlouli-Zid K, Gusmão L, Alves C, Benammar-Elgaaied A, Amorim A. Allele frequencies for 15 autosomal STR markers in the Libyan population. *Ann Hum Biol*. 2012 Jan;39(1):80-3. doi: 10.3109/03014460.2011.630678. Epub 2011 Nov 1. PMID: 22039975.
63. Mertens G, Rand S, Moordtgat K, Cardoen E, De Bruyn I, Mommers N, Leijnen G, Jehaes E, Jacobs W. Population genetic analysis of Moroccans residing in Belgium using 16 autosomal STRs of the PowerPlex ESI 17 multiplex. *Forensic Sci Int Genet*. 2011 Aug;5(4):352-3. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.01.008. Epub 2010 Feb 11. PMID: 20457078.
64. Coudray C, Guitard E, Keyser-Tracqui C, Melhaoui M, Cherkaoui M, Larrouy G, Dugoujon JM. Population genetic data of 15 tetrameric short tandem repeats (STRs) in Berbers from Morocco. *Forensic Sci Int*. 2007 Mar 22;167(1):81-6. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.01.003. Epub 2006 Feb 7. PMID: 16464552.
65. Ossmani HE, Talbi J, Bouchrif B, Chafik A. Allele frequencies of 15 autosomal STR loci in the southern Morocco population with phylogenetic structure among worldwide populations. *Leg Med (Tokyo)*. 2009 May;11(3):155-8. doi: 10.1016/j.legalmed.2009.01.053. Epub 2009 Mar 13. PMID: 19285902.
66. Babiker HM, Schlebusch CM, Hassan HY, Jakobsson M. Genetic variation and population structure of Sudanese populations as indicated by 15 Identifiler sequence-tagged repeat (STR) loci. *Investig Genet*. 2011 May 4;2(1):12. doi: 10.1186/2041-2223-2-12. PMID: 21542921; PMCID: PMC3118356.
67. Cherni L, Loueslati Yaâcoubi B, Pereira L, Alves C, Khodjet-El-Khil H, Ben Ammar El Gaaied A, Amorim A. Data for 15 autosomal STR markers (Powerplex 16 System) from two Tunisian populations: Kesra (Berber) and Zriba (Arab). *Forensic Sci Int*. 2005 Jan 6;147(1):101-6. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.04.009. Erratum in: *Forensic Sci Int*. 2010 Jan 30;194(1-3):125. Khodjet El Kill, H [corrected to Khodjet-El-Khil, H]. PMID: 15541599.

68. Ng J, Oldt RF, McCulloh KL, Weise JA, Viray J, Budowle B, Smith DG, Kanthaswamy S. Native American population data based on the Globalfiler(®) autosomal STR loci. *Forensic Sci Int Genet.* 2016 Sep;24:e12-e13. doi: 10.1016/j.fsigen.2016.06.014. Epub 2016 Jun 27. PMID: 27421760.
69. Zúñiga J, Ilzarbe M, Acunha-Alonzo V, Rosetti F, Herbert Z, Romero V, Almeciga I, Clavijo O, Stern JN, Granados J, Fridkis-Hareli M, Morrison P, Azocar J, Yunis EJ. Allele frequencies for 15 autosomal STR loci and admixture estimates in Puerto Rican Americans. *Forensic Sci Int.* 2006 Dec 20;164(2-3):266-70. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.11.022. Epub 2006 Jan 19. PMID: 16426785.
70. Steffen CR, Coble MD, Gettings KB, Vallone PM. Corrigendum to 'U.S. Population Data for 29 Autosomal STR Loci' [*Forensic Sci. Int. Genet.* 7 (2013) e82-e83]. *Forensic Sci Int Genet.* 2017 Nov;31:e36-e40. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.08.011. Epub 2017 Aug 12. Erratum for: *Forensic Sci Int Genet.* 2013 May;7(3):e82-3. doi: 10.1016/j.fsigen.2012.12.004. PMID: 28867528.
71. Sala A, Corach D. Analysis of admixture and genetic structure of two Native American groups of Southern Argentinean Patagonia. *Mol Biol Rep.* 2014 Mar;41(3):1533-43. doi: 10.1007/s11033-013-2999-z. Epub 2014 Jan 14. PMID: 24420849.
72. Caputo M, Sala A, Corach D. Reference population database for 24 STR loci of selected provinces of Argentina. *Mol Biol Rep.* 2023 Jul;50(7):6287-6291. doi: 10.1007/s11033-023-08497-z. Epub 2023 May 23. PMID: 37219673.
73. Simms TM, Barrett DA, McCartney Q, Herrera RJ. Divergent genetic strata in five Bahamian islands. *Forensic Sci Int Genet.* 2012 Jan;6(1):81-90. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.02.005. Epub 2011 Apr 8. PMID: 21482214.
74. Flores S, Sun J, King J, Eisenberg A, Budowle B. Allele frequencies for 15 autosomal STR loci and haplotype data for 17 Y-STR loci in a population from Belize. *Int J Legal Med.* 2015 Nov;129(6):1217-8. doi: 10.1007/s00414-014-1082-1. Epub 2014 Sep 6. PMID: 25193820.
75. Parolin ML, Iudica CE, Lancelotti JL, Sambuco LA, Jaureguiberry SM, Avena SA, Carnese FR. Population data of 15 autosomal STR markers from Afro-Bolivians of Nor Yungas Province (Bolivia). *Int J Legal Med.* 2015 May;129(3):463-4. doi: 10.1007/s00414-014-1080-3. Epub 2014 Sep 9. PMID: 25217341.
76. Wolfgramm Ede V, Silva BC, Aguiar VR, Malta FS, de Castro AM, Ferreira AC, Prezoti AN, de Paula F, Louro ID. Genetic analysis of 15 autosomal and 12 Y-STR loci in the Espírito Santo State population, Brazil. *Forensic Sci Int Genet.* 2011 Jun;5(3):e41-3. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.05.001. Epub 2010 Jun 8. PMID: 20965142.
77. Rodrigues EL, Machado FB, Arruda MM, de Moura-Neto RS, Medina-Acosta E. Genetic data on 15 STR autosomal loci for a sample population of the Northern Region of the State of Rio de Janeiro, Brazil. *Forensic Sci Int Genet.* 2009 Dec;4(1):e25-6. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.01.008. Epub 2009 Feb 20. PMID: 19948317.
78. Martins JA, de Freitas Figueiredo R, Yoshizaki CS, Paneto GG, Cicarelli RM. Genetic data of 15 autosomal STR loci: an analysis of the Araraquara population colonization (São Paulo, Brazil). *Mol Biol Rep.* 2011 Nov;38(8):5397-403. doi: 10.1007/s11033-011-0693-6. Epub 2011 Mar 13. PMID: 21400199.
79. Alves HB, Leite FP, Sotomaior VS, Rueda FF, Silva R, Moura-Neto RS. STR data for 15 autosomal STR markers from Paraná (Southern Brazil). *Int J Legal Med.* 2014 Mar;128(2):269-70. doi: 10.1007/s00414-013-0859-y. Epub 2013 Apr 25. PMID: 23615678.
80. Aguiar VR, Wolfgramm Ede V, Malta FS, Bosque AG, Mafia Ade C, Almeida VC, Caxito Fde A, Pardini VC, Ferreira AC, Louro ID. Updated Brazilian STR allele frequency data using over 100,000 individuals: an analysis of CSF1PO, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, FGA, Penta D, Penta E, TH01, TPOX and vWA loci. *Forensic Sci Int Genet.* 2012 Jul;6(4):504-9. doi: 10.1016/j.fsigen.2011.07.005. Epub 2011 Aug 2. Erratum in: *Forensic Sci Int Genet.* 2013 Feb;7(2):321-5. PMID: 21813349.
81. Toscanini U, Moreno F, Pantoja-Astudillo JA, Morales EA, Bustos P, Salas A. A reference frequency database of 15 autosomal STRs in Chile. *Forensic Sci Int Genet.* 2015 Nov;19:35-36. doi: 10.1016/j.fsigen.2015.05.016. Epub 2015 May 28. PMID: 26074412.
82. Sánchez-Diz P, Acosta MA, Fonseca D, Fernández M, Gómez Y, Jay M, Alape J, Lareu MV, Carracedo A, Restrepo CM. Population data on 15 autosomal STRs in a sample from Colombia.
83. *Forensic Sci Int Genet.* 2009 Jun;3(3):e81-2. doi: 10.1016/j.fsigen.2008.08.002. Epub 2008 Sep 13. PMID: 19414157.
84. Rodríguez A, Arrieta G, Sanóu I, Vargas MC, García O, Yurrebaso I, Pérez JA, Villalta M, Espinoza M. Population genetic data for 18 STR loci in Costa Rica. *Forensic Sci Int.* 2007 May 3;168(1):85-8. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.01.013. Epub 2006 Mar 3. PMID: 16516422.
85. Vilma Díaz, Patria Rivas, Carmen Olivero, Angel Carracedo, The distribution of allele frequencies of 15 STRs in Dominican population, *Forensic Science International: Genetics Supplement Series, Volume 1, Issue 1, 2008, Pages 322-325, ISSN 1875-1768, https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2007.10.164.*
86. C. Paz-y-Miño, O. Astudillo-González, D. Maldonado-Oyervide, A. López-Cortés, A. Pérez-Villa, I. Armendáriz-Castillo, J.M. García-Cárdenas, S. Guerrero, P. Guevara-Ramírez, V. Yumiceba, A.K. Zambrano, P.E. Leone,

- Allele frequency data for 15 autosomal strs and ancestral proportions using aims-indels in the shuar ethnic group from Ecuador, Forensic Science International: Genetics Supplement Series, Volume 7, Issue 1, 2019, Pages 65-67, ISSN 1875-1768, <https://doi.org/10.1016/j.fsigs.2019.09.026>.*
87. Cardoso S, Sevillano R, Illescas MJ, de Pancorbo MM. Analysis of 16 autosomal STRs and 17 Y-STRs in an indigenous Maya population from Guatemala. *Int J Legal Med.* 2016 Mar;130(2):365-6. doi: 10.1007/s00414-015-1195-1. Epub 2015 May 3. PMID: 25935237.
 88. Stephenson-Ojea M, Aguilar-Velázquez JA, García-King MA, Rangel-Villalobos H. Forensic parameters of 15 autosomal STRs (Identifiler™ kit) in three Mayan groups and one Mestizo population from Guatemala. *Leg Med (Tokyo).* 2019 Mar;37:25-27. doi: 10.1016/j.legalmed.2018.12.004. Epub 2018 Dec 24. PMID: 30599443.
 89. Branham A, Wenk R, Chiafari F. Allele frequencies of fifteen STR loci in U.S. immigrants from Haiti compared with African Americans and Afro-Caribbeans. *Forensic Sci Int Genet.* 2012 Jan;6(1):e3-4. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.11.001. Epub 2010 Dec 3. PMID: 21130721.
 90. Matamoros M, Pinto Y, Inda FJ, García O. Population genetic data for 15 STR loci (Identifiler kit) in Honduras. *Leg Med (Tokyo).* 2008 Sep;10(5):281-3. doi: 10.1016/j.legalmed.2008.01.004. Epub 2008 Mar 10. PMID: 18329938.
 91. Simms TM, Rodriguez CE, Rodriguez R, Herrera RJ. The genetic structure of populations from Haiti and Jamaica reflect divergent demographic histories. *Am J Phys Anthropol.* 2010 May;142(1):49-66. doi: 10.1002/ajpa.21194. PMID: 19918989.
 92. Aguilar-Velázquez JA, Martínez-Cortés G, Inclán-Sánchez A, Favela-Mendoza AF, Velarde-Félix JS, Rangel-Villalobos H. Forensic parameters and admixture in Mestizos from five geographic regions of Mexico based on 20 autosomal STRs (Powerplex 21 system). *Int J Legal Med.* 2018 Sep;132(5):1293-1296. doi: 10.1007/s00414-018-1810-z. Epub 2018 Mar 1. PMID: 29492659.
 93. Gutiérrez CC, Loáisiga JC, Campos LG, Monterrosa JC, Morales J, Inda FJ, Uriarte I, Yurrebaso I, García O. Population genetic data for 15 STR loci (PowerPlex 16 kit) in Nicaragua. *Forensic Sci Int Genet.* 2011 Nov;5(5):563-4. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.08.011. Epub 2010 Sep 17. PMID: 20850403.
 94. Vullo C, Rotondo M, Daguerre N, Quiroz A, Velázquez V, Machado P, Serra H, Borosky A. Genetic polymorphism of 22 autosomal STR markers in Paraguay. *Forensic Sci Int Genet.* 2016 Nov;25:e16-e17. doi: 10.1016/j.fsigen.2016.08.002. Epub 2016 Aug 8. PMID: 27522297.
 95. Bermejo Valladolid ME, Ge J, Budowle B, Infante Valdez C, Neyra-Rivera CD. Genetic study with 21 autosomal STRs in five Peruvian macro regions for human identification purposes. *Leg Med (Tokyo).* 2022 Jul;57:102073. doi: 10.1016/j.legalmed.2022.102073. Epub 2022 Apr 15. PMID: 35453076.
 96. Bernal LP, Borjas L, Zabala W, Portillo MG, Fernández E, Delgado W, Tovar F, Lander N, Chiurillo MA, Ramírez JL, García O. Genetic variation of 15 STR autosomal loci in the Maracaibo population from Venezuela. *Forensic Sci Int.* 2006 Aug 10;161(1):60-3. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.07.011. Epub 2005 Sep 6. PMID: 16143477.
 97. Melo MM, Carvalho M, Lopes V, Anjos MJ, Serra A, Vieira DN, Sequeiros J, Corte-Real F. Genetic study of 15 STRs loci of Identifiler system in Angola population. *Forensic Sci Int Genet.* 2010 Oct;4(5):e153-7. doi: 10.1016/j.fsigen.2010.03.010. Epub 2010 Apr 15. PMID: 20457105.
 98. Azonbakin S, Bigot C, Adjagba M, Debaly M, Darboux R. Values of 15 STR in Beninese population's filiation test. *IP Int J Forensic Med Toxicol Sci* 2019;4(4):127-129
 99. Tau, T., Wally, A., Fanie, T. et al. Genetic variation and population structure of Botswana populations as identified with AmpFLSTR Identifiler short tandem repeat (STR) loci. *Sci Rep* 7, 6768 (2017). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-06365-y>
 100. Resende A, Amorim A, da Silva CV, Ribeiro T, Porto MJ, Costa Santos J, Afonso Costa H. Study of genetic markers of CODIS and ESS systems in a population of individuals from Cabo Verde living in Lisboa. *Int J Legal Med.* 2017 Jan;131(1):119-121. doi: 10.1007/s00414-016-1431-3. Epub 2016 Aug 3. PMID: 27485097.
 101. Alves C, Gusmão L, López-Parra AM, Soledad Mesa M, Amorim A, Arroyo-Pardo E. STR allelic frequencies for an African population sample (Equatorial Guinea) using AmpFISTR Identifiler and Powerplex 16 kits. *Forensic Sci Int.* 2005 Mar 10;148(2-3):239-42. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.05.007. PMID: 15639621.
 102. Haddish K, Chierito E, Di Vella G, Lacerenza D, Raddi S, Aneli S, Bogale AL, Kidane E, Yizengaw A, Getaneh Y, Teweledmedhin G, Kumar HRS, Robino C. A reference database of forensic autosomal and gonosomal STR markers in the Tigray population of Ethiopia. *Forensic Sci Int Genet.* 2022 Jan;56:102618. doi: 10.1016/j.fsigen.2021.102618. Epub 2021 Oct 23. PMID: 34735940.
 103. Kofi AE, Agyemang DA, Ghansah A, Awandare GA, Hakim HM, Khan HO, Nur Haslindawaty AR, Aziz MY, Chambers GK, Edinur HA. A genetic Study of the Ghanaian Population Using 15 Autosomal STR Loci. *Biochem Genet.* 2023 Oct;61(5):1850-1866. doi: 10.1007/s10528-023-10347-3. Epub 2023 Mar 4. PMID: 36869999.

104. Guerreiro S, Ribeiro T, Porto MJ, Carneiro de Sousa MJ, Dario P. Characterization of GlobalFiler loci in Angolan and Guinean populations inhabiting Southern Portugal. *Int J Legal Med.* 2017 Mar;131(2):365-368. doi: 10.1007/s00414-016-1497-y. Epub 2016 Nov 22. PMID: 27878371.
105. Muinde JM, Chandra Bhanu DR, Neumann R, Oduor RO, Kanja W, Kimani JK, Mutugi MW, Smith L, Jobling MA, Wetton JH. Geographical and linguistic structure in the people of Kenya demonstrated using 21 autosomal STRs. *Forensic Sci Int Genet.* 2021 Jul;53:102535. doi: 10.1016/j.fsigen.2021.102535. Epub 2021 May 19. PMID: 34051692.
106. Armando Cinturão Semo, Mónica Ramos Carvalho, Vanessa Bogas, Armando Serra, Virgínia Lopes, Pedro Brito, Filipa Balsa Sá, Maria João Porto, Isabel Maria Theriaga Gonçalves, Francisco Corte-Real, Allelic frequencies of 15 autosomal STRs from two main population groups (Makua and Changana) in Mozambique, *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, Volume 6, 2017, Pages e286-e288, ISSN 1875-1768, <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2017.09.139>.
107. Okolie VO, Cisana S, Schanfield MS, Adekoya KO, Oyedele OA, Podini D. Population data of 21 autosomal STR loci in the Hausa, Igbo and Yoruba people of Nigeria. *Int J Legal Med.* 2018 May;132(3):735-737. doi: 10.1007/s00414-017-1722-3. Epub 2017 Nov 4. Erratum in: *Int J Legal Med.* 2018 May;132(3):739. doi: 10.1007/s00414-018-1779-7. PMID: 29103098.
108. Paul G, Liu J, Ma P, Assefa AW, Yang J, Li S, Fu D, Liu Y, Gad R, Edward K, Li S, Zhang B, Yan C. Genetic Polymorphism of 24 Autosomal STR in the Population of Rwanda. *Biochem Genet.* 2022 Feb;60(1):80-93. doi: 10.1007/s10528-021-10067-6. Epub 2021 Jun 7. PMID: 34100175.
109. Tillmar AO, Bäckström G, Montelius K. Genetic variation of 15 autosomal STR loci in a Somali population. *Forensic Sci Int Genet.* 2009 Dec;4(1):e19-20. doi: 10.1016/j.fsigen.2009.01.004. Epub 2009 Feb 5. PMID: 19948314.
110. Lucassen A, Ehlers K, Grobler PJ, Shezi AL. Allele frequency data of 15 autosomal STR loci in four major population groups of South Africa. *Int J Legal Med.* 2014 Mar;128(2):275-6. doi: 10.1007/s00414-013-0898-4. Epub 2013 Jul 28. PMID: 23892950.
111. Forward BW, Eastman MW, Nyambo TB, Ballard RE. AMPFISTR Identifiler STR allele frequencies in Tanzania, Africa. *J Forensic Sci.* 2008 Jan;53(1):245. doi: 10.1111/j.1556-4029.2007.00640.x. PMID: 18279270.
112. Gomes V, Sánchez-Diz P, Alves C, Gomes I, Amorim A, Carracedo A, Gusmão L. Population data defined by 15 autosomal STR loci in Karamoja population (Uganda) using AmpF/STR Identifiler kit. *Forensic Sci Int Genet.* 2009 Mar;3(2):e55-8. doi: 10.1016/j.fsigen.2008.06.005. Epub 2008 Jul 25. PMID: 19215869.
113. Borosky A, Rotondo M, Eppel S, Gusmão L, Vullo C. Allele frequency data for 23 aSTR for different ethnic groups from Republic of Zimbabwe. *Int J Legal Med.* 2021 Sep;135(5):1753-1765. doi: 10.1007/s00414-021-02514-1. Epub 2021 Feb 8. PMID: 33559001.
114. Luis JR, Lacau H, Fadhlouzi-Zid K, Alfonso-Sanchez MA, Garcia-Bertrand R, Herrera RJ. Afghanistan: conduits of human migrations identified using AmpFISTR markers. *Int J Legal Med.* 2019 Nov;133(6):1659-1666. doi: 10.1007/s00414-019-02018-z. Epub 2019 Mar 7. PMID: 30847558.
115. Älgenäs C, Tillmar AO. Population genetics of 29 autosomal STRs and 17 Y-chromosomal STRs in a population sample from Afghanistan. *Int J Legal Med.* 2014 Mar;128(2):279-80. doi: 10.1007/s00414-013-0902-z. Epub 2013 Aug 25. PMID: 23979058.
116. Lowery RK, Herrera KJ, Barrett DA, Rodriguez R, Hadden LR, Harutyunyan A, Margaryan A, Yepiskoposyan L, Herrera RJ. Regionalized autosomal STR profiles among Armenian groups suggest disparate genetic influences. *Am J Phys Anthropol.* 2011 Oct;146(2):171-8. doi: 10.1002/ajpa.21558. Epub 2011 Aug 8. PMID: 21826633.
117. Mammadov ER, Mustafayev NS, Mammadov AC, Hasanov AB, Huseynova IM. Population-genetic and comparative interpopulation studies of Azerbaijan population based on the 15 autosomal STR markers. *Gene.* 2020 Aug 30;753:144804. doi: 10.1016/j.gene.2020.144804. Epub 2020 May 20. PMID: 32445920.
118. Al-Snan NR, Messaoudi S, R Babu S, Bakhiet M. Population genetic data of the 21 autosomal STRs included in GlobalFiler kit of a population sample from the Kingdom of Bahrain. *PLoS One.* 2019 Aug 15;14(8):e0220620. doi: 10.1371/journal.pone.0220620. PMID: 31415577; PMCID: PMC6695180.
119. Hossain T, Hasan MM, Mazumder AK, Momtaz P, Sharmin T, Sufian A, Das SA, Akhteruzzaman S. Population genetic data on 15 autosomal STR loci in Bangladeshi population. *Forensic Sci Int Genet.* 2014 Nov;13:e4-5. doi: 10.1016/j.fsigen.2014.04.012. Epub 2014 May 9. PMID: 24888517.
120. Genetic polymorphisms of 15 autosomal STR loci in three isolated tribal populations of Bangladesh; Gazi, Nurun Nahar et al.; *Forensic Science International: Genetics*, Volume 4, Issue 4, 265 - 266
121. Kraaijenbrink T, van Driem GL, Tshering of Gaselö K, de Knijff P. Allele frequency distribution for 21 autosomal STR loci in Bhutan. *Forensic Sci Int.* 2007 Jul 20;170(1):68-72. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.04.006. Epub 2006 May 24. PMID: 16730150.

122. Sharma S, Sahajpal V, Singh A, Yadav R, Thakur M, Bhandari D, Ranga S, Kadian L, Yadav C. Genetic Diversity of Autosomal STR Markers in the Brahmin Population of Rajasthan and Haryana: Significance in Population and Forensic Genetics. *Sovrem Tekhnologii Med.* 2023;15(1):63-72. doi: 10.17691/stm2023.15.1.07. Epub 2023 Jan 28. PMID: 37388752; PMCID: PMC10306963.
123. Shrivastava P, Kaitholia K, Kumawat RK, Dixit S, Dash HR, Srivastava A, Baroniya Y, Mishra A, Kushwaha P, Rana M, Dixit A, Sarawagi T, Bhatt A, Sharma H, Sinha M, Chaubey G. Forensic effectiveness and genetic distribution of 23 autosomal STRs included in Verifiler PlusTM multiplex in a population sample from Madhya Pradesh, India. *Int J Legal Med.* 2020 Jul;134(4):1327-1328. doi: 10.1007/s00414-019-02172-4. Epub 2019 Nov 11. PMID: 31713062.
124. Badiye A, Kapoor N, Kumawat RK, Dixit S, Mishra A, Dixit A, Kathane P, Bag S, Thakre V, Kaitholia K, Srivastava A, Chaubey G, Shrivastava P. A study of genomic diversity in populations of Maharashtra, India, inferred from 20 autosomal STR markers. *BMC Res Notes.* 2021 Feb 23;14(1):69. doi: 10.1186/s13104-021-05485-z. PMID: 33622409; PMCID: PMC7903603.
125. Sahoo S, Samal R, Behera S, Swain AK, Biswas S, Shrivastava P, Kumawat RK, Chaubey G, Dash HR. Genomic portrait of Odisha, India drawn by using 21 autosomal STR markers. *Int J Legal Med.* 2020 Sep;134(5):1671-1673. doi: 10.1007/s00414-020-02281-5. Epub 2020 Mar 24. PMID: 32211959.
126. Shrivastava P, Jain T, Trivedi VB. A genetic portrait of Oraon Indian tribe drawn with 15 autosomal and 17 Y chromosomal STR markers. *Int J Legal Med.* 2016 Sep;130(5):1185-6. doi: 10.1007/s00414-016-1322-7. Epub 2016 Feb 4. PMID: 26846764.
127. Haddadan SG, Babaei E, Setareh M. Population-genetic and comparative interpopulation studies of the 15 autosomal STR markers in the population living in the Northwest of Iran. *Ann Hum Genet.* 2024 Nov;88(6):402-413. doi: 10.1111/ahg.12564. Epub 2024 Jun 19. PMID: 38895879.
128. Sabbah MA, Al-Zubaidi MM, Al-Janabi TY, Namaa DS, Al-Rubai HK, Ibrahim HK. Short tandem repeat (STR) variation from 6 cities in Iraq based on 15 loci. *J Genet Eng Biotechnol.* 2023 Dec 5;21(1):160. doi: 10.1186/s43141-023-00570-1. PMID: 38051405; PMCID: PMC10697907.
129. Yasin SR, Hamad MM, Elkarmi AZ, Jaran AS. African Jordanian population genetic database on fifteen short tandem repeat genetic loci. *Croat Med J.* 2005 Aug;46(4):587-92. PMID: 16100761.
130. Al-Eitan, L. N., & Tubaishat, R. R. (2016). Evaluation of forensic genetic efficiency parameters of 22 autosomal STR markers (PowerPlex[®] Fusion system) in a population sample of Arab descent from Jordan. *Australian Journal of Forensic Sciences*, 50(1), 97–109. <https://doi.org/10.1080/00450618.2016.1212401>
131. Al-Eitan LN, Darwish NN, Hakooz NM, Dajani RB. Assessing the forensic efficiency of the GlobalFiler STR loci among the genetically isolated Chechen subpopulation in Jordan. *Gene.* 2019 Dec 15;720:144078. doi: 10.1016/j.gene.2019.144078. Epub 2019 Aug 29. PMID: 31473321.
132. Haidar, M., Abbas, F.A., Alsaleh, H. et al. Population genetics and forensic utility of 23 autosomal PowerPlex Fusion 6C STR loci in the Kuwaiti population. *Sci Rep* 11, 1865 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-81425-y>
133. Riman S, Ghemrawi M, Borsuk LA, Mahfouz R, Walsh S, Vallone PM. Sequence-based allelic variations and frequencies for 22 autosomal STR loci in the Lebanese population. *Forensic Sci Int Genet.* 2023 Jul;65:102872. doi: 10.1016/j.fsigen.2023.102872. Epub 2023 Apr 10. PMID: 37068444.
134. Kraaijenbrink T, van Driem GL, Opgenort JR, Tuladhar NM, de Knijff P. Allele frequency distribution for 21 autosomal STR loci in Nepal. *Forensic Sci Int.* 2007 May 24;168(2-3):227-31. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.02.014. Epub 2006 Mar 15. PMID: 16540274.
135. Alshamali F, Alkhayat AQ, Budowle B, Watson ND. STR population diversity in nine ethnic populations living in Dubai. *Forensic Sci Int.* 2005 Sep 10;152(2-3):267-79. doi: 10.1016/j.forsciint.2004.09.133. Epub 2004 Nov 24. PMID: 15978355.
136. Shafique M, Sajid N, Aziz Y, Afzal M, Shahzad M, Shehzadi A, Bashir S, Daud S, Ali Shahid A. Genetic data of 22 autosomal STR loci in Khyber-Pakhtunkhwa, Balochistan and Gilgit Baltistan population of Pakistan using PowerPlex[®] fusion system. *Leg Med (Tokyo).* 2022 Nov;59:102129. doi: 10.1016/j.legalmed.2022.102129. Epub 2022 Aug 3. PMID: 35944342.
137. Abu Halima MS, Bernal LP, Sharif FA. Genetic variation of 15 autosomal short tandem repeat (STR) loci in the Palestinian population of Gaza Strip. *Leg Med (Tokyo).* 2009 Jul;11(4):203-4. doi: 10.1016/j.legalmed.2009.02.072. Epub 2009 Apr 11. PMID: 19364669.
138. Pérez-Miranda AM, Alfonso-Sánchez MA, Peña JA, Herrera RJ. Qatari DNA variation at a crossroad of human migrations. *Hum Hered.* 2006;61(2):67-79. doi: 10.1159/000092648. Epub 2006 Apr 19. PMID: 16636573.
139. Khubrani YM, Wetton JH, Jobling MA. Analysis of 21 autosomal STRs in Saudi Arabia reveals population structure and the influence of consanguinity. *Forensic Sci Int Genet.* 2019 Mar;39:97-102. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.12.006. Epub 2018 Dec 21. PMID: 30611827.

140. Abdin L, Shimada I, Brinkmann B, Hohoff C. Analysis of 15 short tandem repeats reveals significant differences between the Arabian populations from Morocco and Syria. *Leg Med (Tokyo)*. 2003 Mar;5 Suppl 1:S150-5. doi: 10.1016/s1344-6223(02)00129-3. PMID: 12935576.
141. Yi Ye, Yu Liang, Haibo Luo, Ying Wang, Di Zhou, Wei Wu, Linchuan Liao, Yiping Hou, Genetic diversity of 23 autosomal STR loci in a Tibetan population, *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, Volume 6, 2017, Pages e101-e103, ISSN 1875-1768, <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2017.09.041>.
142. Jones RJ, Tayyare WA, Tay GK, Alsafar H, Goodwin WH. Population data for 21 autosomal short tandem repeat markers in the Arabic population of the United Arab Emirates. *Forensic Sci Int Genet*. 2017 May;28:e41-e42. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.02.015. Epub 2017 Mar 1. PMID: 28291711.

3.3. Work package 4: Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

3.3.1. Overview of the research design

As indicated above, the overarching objective of the research is to optimise the regulation of the use of DNA in criminal matters. This objective, as formulated in the initial project proposal, comprised two complementary dimensions.

On the one hand, the research aimed to conduct an analysis of the existing legal framework and of its implementation by practitioners in the field – referred to as the α strand (*volet α*). On the other hand, it sought to initiate a broader and prospective reflection on the regulation of the use of DNA in criminal proceedings, potentially contributing to an in-depth reform of the 1999 DNA Law – referred to as the β strand (*volet β*).

Regarding the α strand, the research design had to be adapted following the drafting and adoption of the 2024 DNA Law. In addition to analysing the 1999 Law, the team provided the Minister of Justice with an expert opinion on the draft legislation. The researchers also contributed to the dissemination of key elements of the new legal framework to field practitioners, through the publication of an article in the *Journal des Tribunaux*, the leading generalist law review in francophone Belgium. These analyses of both proposed and enacted legislation were carried out in accordance with recognised methodological standards in legal research.

Apart from these adaptations, the original research design set out in the project proposal was followed as planned for both strands (α – analysis of the 1999 Law; β – prospective reflection). The main challenge of the research was to delineate the “field” of possible scenarios available to the law-maker – in principle the legislator – concerning the regulation of the use of DNA in criminal matters. This constitutes the first operational sequence of the project.

3.3.2. Operational Sequence No. 1 – Legal analysis of « legal invariants »

The approach adopted at this stage is politically neutral, in the sense that no preference is given to any particular scenario. The “field” of possibilities is delineated through the identification of legal invariants – that is, the set of normative elements that fall outside the competence of the law-maker and that therefore limit the scope of legislative action.

This logic departs from a strictly dogmatic perspective and instead adopts a pragmatic approach to law, confining the legislator’s field of action to legally and politically reasonable developments. In other words, the analysis aims to define what is *politically conceivable* within an evolving normative landscape. Such an approach makes it possible to move beyond a purely positivist method grounded

in the hierarchy of norms, by including within the scope of analysis those legal instruments that are politically or institutionally unavoidable, such as the Council of Europe Convention No. 108 for the Protection of Individuals with regard to Automatic Processing of Personal Data.

3.3.3. Operational Sequence No. 2 – Legal analysis of applicable rules in the Belgian legal system

As mentioned above, the adoption of the 2024 DNA Law had significant repercussions on the implementation of this sequence, none of which had been foreseen in the initial research proposal. This sequence was originally intended to analyse the legal rules applicable in the Belgian legal order governing the material usable in the context of recourse to DNA technologies, as well as the types of information that may be obtained and exploited by the criminal justice system, with particular attention to the distinction between coding and non-coding DNA, the scope of application of the Law of 22 March 1999, and the concrete practices developed by field actors. Several additional tasks were subsequently integrated, linked to the drafting and adoption of the 2024 DNA Law. On the one hand, the research team was associated with the legislative process, having been invited by the Minister of Justice to provide an opinion on the draft text. On the other hand, it involved determining the legal framework applicable in Belgium and its implementation by field actors – which required both a legal and an empirical approach.

The focus was placed more specifically on the four themes already identified among the objectives of WP 4, in Operational Sequence No. 2. Their selection was intended to maximise both the richness of the scenarios and their added value for the Belgian or foreign legislator. The same considerations guided the comparative-law analysis, with the selection of legal systems and topics following the same logic – as developed in Operational Sequence No. 3. Based on the results obtained from the first three operational sequences, the various regulatory scenarios will be constructed within the framework defined by the legal invariants – Operational Sequence No. 4.

3.3.3.1. Positive-law analysis

The principles and rules governing the use of DNA technologies in criminal matters were examined from the perspective of positive law. This study comprised two components. The first analysis focused on the regulatory framework as a whole, with particular attention to the 1999 DNA Law. It included, among other things, a historical dimension deemed essential for a proper understanding of its content. This initial examination was complemented by an in-depth analysis of the four themes defined in the original research proposal.

All positive-law analyses were carried out in accordance with the recognised methodological standards in the field. The main difficulties encountered stemmed from the absence of clear legal provisions and the scarcity of doctrinal writings addressing the four themes selected for detailed study.

3.3.3.2. Interviews

These positive-law analyses were complemented by a series of interviews whose purpose was to examine how different field actors interpret and apply the law. They also aimed to identify practices developed by these actors at the margins of, or even in breach of, the law, as well as practices that elude it entirely. Finally, they sought to highlight other normative sources that coexist with or complement the DNA Law.

These interviews, which complete the analysis of positive law, were carried out with actors who, by virtue of their function and experience, have a broad understanding of the use of DNA in criminal matters. Half a dozen participants were selected, representing a diversity of profiles. They include both legal professionals and scientific or technical experts. The interviews are semi-structured and conducted using an interview guide designed for this purpose. They focus in particular on the four themes identified for in-depth legal analysis. The overall design seeks to produce a perspective as comprehensive and diversified as possible on the regulation of practices and the role played by law in this context. Ethical standards concerning informed consent were respected; the interviews were recorded, transcribed, and synthesised in a summary report.

3.3.3.3. Deliverables related to the reform of the DNA Law

The drafting and adoption of the 2024 DNA Law also led to the addition of two further major deliverables to those initially foreseen in the research project. The first was the preparation of a doctrinal article intended to inform field practitioners about the principal amendments introduced into the regulatory framework then in force. This publication was produced in full compliance with the methodological standards applied throughout the project's analyses of positive law.

The second deliverable consisted in the drafting of an expert opinion on the preliminary draft law, at the request of the Cabinet of the Minister of Justice. Its preparation required the use of a methodology that, on certain points, differs significantly from that applied in the analyses of positive law. The draft bill constitutes a particularly "moving" object, susceptible to substantial changes in its stated objectives, its scope, and the rules it contains. It must also be examined through a plurality of registers. Some belong to the legal domain—criminal procedure, legislative drafting technique, and compliance with higher-ranking norms—while others stem from scientific or statistical considerations (such as the status of coding/non-coding DNA or the risk of false positives and false negatives), all of which influence normative choices and their potential implications. The drafting of the opinion also required attention to the practices of field actors, by identifying their needs and priorities and assessing the potential effects of the draft law on the functioning of the criminal-justice system. Likewise, this type of deliverable demands reflection on the broader societal implications of the reform project, including anticipated costs and risks for the community, such as biases, stigmatisation, or possible misuse.

3.3.4. Operational Sequence No. 3 – Comparative law analysis

The comparative-law analysis was intended, in particular, to contribute to the identification of the criteria underlying the regulation of the use of DNA in criminal matters (for example, the distinction or not between non-coding and coding DNA; the limitation or not of recourse to DNA technologies to offences of a certain gravity; the establishment or not, by the law-maker, of lists defining the types of information that may be produced through the use of such technologies in criminal investigations, etc.). These various elements were to be combined, within the limits set by the "legal invariants", to design the full range of possible regulatory scenarios.

This approach is justified all the more since the literature shows that, so far, the Belgian legislator has adopted a *restrictive* stance (Machado & Silva, 2014), characterised both by a limitation on the use of DNA technology and by its supervision through a specific and very detailed legal system. Many other States have shown themselves more inclined to authorise a broader and sometimes more innovative use of these technologies, which may, however, entail a greater risk of prejudice to the rights and freedoms of the persons concerned.

This comparative-law research is therefore both *strategic* and *specific*. After a broad preliminary examination of a relatively superficial nature, a limited number of States were selected for closer analysis of all or part of their legal framework. The aim was to identify original or innovative regulatory mechanisms, or those addressing issues not covered by the Belgian Law of 22 March 1999. The approach adopted was, *a priori*, differential, conceptual or functional, and bilateral – with a view to assessing the possible importation (after adaptation) of foreign regulatory mechanisms into the Belgian legal order.

In general, preference was given to legal systems recently approached or planned among the member States of the Council of Europe. Other criteria were also taken into account, in particular the accessibility of formal sources, the official language of the State concerned, the quality of the available literature, and the transparency of the legislative process and its adoption.

3.3.5. Operational Sequence No. 4 – Realization of conjecturable scenarios

In the initial research proposal, the final operational sequence aimed to produce a synthesis integrating all results obtained throughout the preceding operational sequences — namely, the positive-law analysis at both national and international levels, the empirical research carried out with field actors through semi-structured interviews, and the comparative-law analysis.

This synthesis takes the form, among other outputs, of a series of scenarios designed to frame the legal regulation of the use of DNA technologies in criminal matters.

The adoption of the 2024 DNA Law required that these scenarios be conceived *in abstracto*, without limiting the reflection to the reform of the 1999 DNA Law alone.

Against this background, the fourth operational sequence focuses on the development of scenarios for the regulation of the use of DNA technologies in criminal matters. This phase mobilised the results obtained through the preceding operational sequences. The analysis of legal invariants delineated the boundaries within which any regulatory reform must operate; the comparative-law research identified a range of criteria and mechanisms used elsewhere to regulate forensic DNA practices; and the empirical interviews highlighted the limits of the current legal framework, the existence of parallel regulatory mechanisms, and various operational constraints encountered by practitioners. Together, these findings constituted the analytical foundation for constructing scenarios strictly within the limits imposed by the legal invariants.

This work was carried out through an iterative and collaborative process involving all partners of the research consortium, including teams responsible for other work packages. Regular interdisciplinary meetings—which brought together researchers in law, criminology, and forensic sciences—ensured the coherence of the approach and facilitated the articulation of technical constraints, normative frameworks, and operational realities. Particular attention was devoted to making the scenarios intelligible to a wide audience, especially policymakers who may not possess specialised expertise in the regulation of DNA technologies.

A central element of this methodological sequence was the collaboration with Judith Du Faux, visual facilitator. Her contribution went far beyond illustration and consisted of genuine co-construction work: visualising normative tensions, refining argumentative balances, and structuring the discourse into coherent and adaptable graphical sequences.

Conceptually, the process unfolded across four nested phases, each building upon the previous one:

1. Exploratory writing phase : Drafting of preliminary analytical texts by WP4 researchers, focusing primarily on phenotyping and mass sampling, grounded in comparative-law findings, interviews, and the study of Belgian and European law.
2. Interdisciplinary integration phase : Joint examination of these texts with contributions from other work packages to identify cross-cutting themes, articulate legal and technical constraints, identify non-negotiable invariants, and assess the legislator's margins of action.
3. Scenario-building phase : Structuring contrasting regulatory scenarios for each technique, associating each option with its implications in terms of effectiveness, costs, benefits, operational feasibility, and the protection of fundamental rights.
4. Visual translation phase : Collaborative transformation of these scenarios into a shared visual framework, resulting in the production of the final visual support.

This process of co-construction led to the decision to produce two complementary outputs, both intended to engage the target audience in an informed reflection and to help them grasp the issue in all its complexity, while situating themselves among the range of existing regulatory options. One of these outputs is a comprehensive analytical document, designed to remain accessible to the target audience and structured in accordance with their informational needs. The other is a visual document, created to enable the same audience to grasp quickly and intuitively the main challenges surrounding the regulation of DNA technologies in criminal justice. It serves as an introductory gateway, facilitating a clear and progressive understanding of the analytical document that accompanies it.

3.3.5.1. Visual support

The visual support graphically translates the reflections conducted within WP 4. Its purpose is to popularise and clarify the legal and technical challenges linked to the use of DNA exploitation techniques, offering legislators and practitioners a tool for understanding and discussion.

The document opens with an introduction recalling the context of the study: the evolution of genetic analysis techniques and their growing role in the pursuit of judicial truth. It highlights that legislating in the field of DNA requires balancing efficiency, ethics, and respect for fundamental rights.

It continues with three sections, each dedicated to one of the techniques—phenotyping, family searching, and mass sampling—all presented according to a common framework:

- a. what the technique allows (and does not allow);
- b. the associated risks and issues;
- c. two or three possible regulatory scenarios.

Each technique is then examined through three cross-cutting dimensions:

- a. material (type of samples and usable data);
- b. regulatory (legal conditions and safeguards);
- c. operational (implementation modes and concrete effects).

This structure allows the legislator's room for manoeuvre to be clearly identified and places alternative models to the 2024 framework in perspective. The visual support thus aims to make the range of possible choices intelligible while opening reflection on their legal and societal consequences.

3.3.5.2. The scenarios synthesis

3.3.5.2.1. Methodological framework

The scenario synthesis constitutes the analytical core of the fourth operational sequence. Its purpose is to structure, in a systematic manner, the choices available to the legislator with regard to the regulation of the use of DNA exploitation techniques in criminal matters, as well as to anticipate their consequences, within a conception of optimisation understood not as a purely technical or managerial objective, but as a normative operation concerned with justification, limitation and legitimacy, without formulating normative recommendations or privileging any particular regulatory model.

This synthesis does not take the form of a closed catalogue of scenarios. Rather, it is conceived as a methodological decision-support device, enabling the articulation, comparison and assessment of different normative configurations on the basis of a set of parameters identified as relevant. It is structured into five complementary parts, which reflect the analytical pathway followed in the scenario document.

3.3.5.2.2. General logic and methodological positioning

The methodology adopted is based on a clear distinction between, on the one hand, the framing elements that impose themselves on the legislator and, on the other hand, the normative options that fall within the legislator's discretion. The synthesis thus seeks to avoid any confusion between what pertains to:

- a. the technical possibilities and limitations of forensic sciences;
- b. external legal constraints, in particular those arising from human rights protection instruments, which function as structuring benchmarks (safeguards) guiding regulatory reasoning and delimiting acceptable interferences;
- c. regulatory choices as such;
- d. and the potential consequences attached to those choices.

From this perspective, the scenario synthesis was developed as a tool for ensuring coherence, allowing the results of the legal, comparative and empirical analyses produced in the preceding sequences to be articulated, without merely compiling them.

3.3.5.2.3. Structure of the synthesis

The synthesis document is structured around five analytical sets, corresponding to as many methodological steps in the construction of the scenarios. This structure reflects a logical progression from the most constraining elements to those more directly related to political decision-making.

- a. DNA exploitation techniques: The reflection begins with the identification and characterisation of the main techniques selected as reference points for the scenario-building exercise. These techniques are approached as analytical catalysts, making it possible to bring to light the most sensitive legal, ethical and operational issues, it being explicitly acknowledged that DNA constitutes a relatively narrow regulatory object when considered in isolation, but one whose analytical value lies in its capacity to reveal broader normative, institutional and societal tensions, without presuming their admissibility or normative desirability.

- b. Legal invariants: The second methodological level consists in making explicit the legal safeguards within which the scenarios must necessarily be situated. These invariants, derived mainly from European and international human rights law, make it possible to delimit the space of legally conceivable regulatory scenarios, without determining the specific content of regulatory choices.
- c. Risks and costs inherent in the scenarios: The synthesis then incorporates a transversal analysis of the potential risks and costs associated with the different regulatory options. This methodological step aims to identify, from a prospective standpoint, the effects likely to manifest themselves at the level of society, the criminal justice system or the criminal investigation itself, independently of any normative assessment, and encompassing legal, organisational, social and symbolic costs, beyond strictly budgetary considerations.
- d. Regulatory options: On this basis, the synthesis identifies and structures the main options open to the legislator, whether legislative, regulatory or operational in nature. These options are deliberately formulated in a neutral manner, as possible configurations of regulation, without hierarchy or recommendation.
- e. Vector axes of analysis: Finally, the methodology mobilises a series of vector axes, conceived as instruments for evaluation and comparison. These axes make it possible to assess the scenarios in light of transversal dimensions (such as effectiveness, protection of fundamental rights, operational feasibility or legitimacy), without reducing the analysis to a binary logic or a single metric.

3.3.5.2.4. Function of the scenario synthesis

The scenario synthesis does not aim to produce a closed typology or to anticipate a specific reform. Its primary function is methodological: to organise a structured space of deliberation in which regulatory choices, constraints and consequences can be jointly apprehended, compared and discussed. By rendering explicit the assumptions, trade-offs and tensions inherent in different regulatory configurations, the synthesis contributes to making the normative field intelligible without simplifying it.

In doing so, the synthesis supports informed legislative and institutional debate by clarifying how different choices may be combined, how they may come into tension with one another, and how they may generate differentiated effects across legal, technical and social dimensions. It thus facilitates reflexivity at the level of regulation, control and implementation, while preserving the distinction between analytical clarification and political decision-making.

It therefore constitutes a tool for informed reflection, intended to shed light on legislative and institutional debate, while leaving the legislator with responsibility for the final arbitration, in full awareness of the uncertainties, constraints and implications attached to each regulatory option.

The substantive content of the scenarios developed in accordance with this methodology is presented in the section of the report devoted to the results of the fourth operational sequence.

3.4. Work Package 5: Identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

3.4.1. Normative analysis and formal mapping of the Belgian's actors tasks and relationships

The normative analysis is based on an in-depth analysis of the normative texts that formally regulate the activities of the various police, scientific, and judicial actors involved in the forensic process related to DNA. This analysis is based primarily on the DNA Circular of the Colleges of Prosecutors General, in its updated version of July 19, 2024 (DNA Circular 21/2013), as well as its annexes, in particular the mandatory requisition forms for public prosecutors. It also incorporates the different DNA laws as well as the provisions of the *Code d'instruction criminelle*, in particular Articles 44quater et seq., as amended by the DNA Act of 2024, and the provisions of the various royal decrees relating to DNA laws, such as the Royal decree of the 17th of July, 2013, "portant exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et fixant la date d'entrée en vigueur de la loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale". (C – 2013/09383).

This work has made it possible to draw up an initial representation of the network of Belgian actors involved in the forensic chain, specifying the respective roles of each in the different stages of collection, analysis, interpretation, use, and control of DNA expertise. It also helped to identify several potential areas of tension in the performance of these tasks, which guided the design of the interview guide used in the strategic analysis. Finally, this study highlighted the discrepancies and reconfigurations between the formal distribution of roles and powers, as derived from the law, and that resulting from actual practices observed in the field.

References

1. *Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*, M. B., 20 mai 1999,
2. *Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*, M. B., 30 novembre 2011.
3. *Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues »*, M. B., 30 janvier 2014,
4. *Loi du 9 avril 2017 modifiant la loi du 21 décembre 2013 en ce qui concerne la création d'une banque de données ADN « Personnes disparues »*, M. B., 4 mai 2017.
5. *loi du 7 mars 2024 modifiant le code d'instruction criminelle, la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et la loi du 5 août 1992 sur la fonction de police*, M.B., 14 mars 2024.
6. *Arrêté royal du 17 juillet 2013 portant exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et fixant la date d'entrée en vigueur de la loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*, M. B., 12 août 2013. (C – 2013/09383).
7. *Circulaire du Collège des Procureurs généraux, ADN, Procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*, COL 21/2013, 19 décembre 2013, version révisée/actualisée du 19 juillet 2024.

3.4.2. Empirical analysis of practices and reconfiguration of power relations

3.4.2.1. The strategic actor: analytical framework, key concepts, and relevance to research

3.4.2.1.1. The analytical framework

The strategic actor theory, developed by Michel Crozier and Erhard Friedberg, is a key analytical framework in organizational sociology. This framework is distinguished by its centralized approach to the actor, the context of the action, and the actual work situation, focusing on the power games that structure the organization. Its cornerstone is to identify the capacities for action and the strategies deployed in a given situation by actors within the same organization. It also aims to understand their motivations and how the sustainable regulations that structure a system are constructed.

In their seminal work *Actors and Systems: The Politics of Collective Actions*, Crozier and Friedberg examine the drivers of collective action. They note that the same logic of action can be applied to a wide variety of situations and embodied in different policies. It is this diversity that researchers must seek to understand and explain. According to Crozier and Friedberg, this approach involves relating the power relations within an organization to its specific “structural constraints.” For the authors, “it is within these constraints, around the organizational chart and official rules, that the organization secretes its own sources of power” (Crozier & Friedberg, 1977, pp. 82-83, personal translation). Crozier and Friedberg thus consider that there are no neutral and unstructured environments, as individuals are always prisoners of the means (normative, material, etc.) they have used to regulate their cooperation and which circumscribe their ability to define new goals. But these means do not determine the behavior of actors; they operate only indirectly. They establish structured games that leave room for actors to develop strategies that are advantageous from the point of view of their personal interests. Uncertainty about the concrete terms of the solution to a problem is what creates these spaces for games in which negotiation strategies can be developed.

However, the authors argue that actors are unequal in the face of the relevant uncertainties of the problem, since “the objective existence of a source of uncertainty tells us nothing about the willingness or, more simply, the ability of actors to truly grasp and use the opportunity it presents” (Crozier & Friedberg, 1977, p. 84, personal translation). Those who, due to their situation, resources, or capabilities, are able to control them will use their power to assert themselves over others. In this regard, Crozier and Friedberg identify four main sources of power: the specific skills possessed by certain actors, relationships with the environment, the flow of information, and normative uncertainties. It is on the basis of these potential sources of power, which are all levers for actors, that they will be able, or not, to deploy strategies of action aimed at promoting their personal interests.

Thus, for the authors, the value of an analysis in terms of “strategies” and “games” is that it “opens up a research perspective capable of accounting for the constrained and pre-structured nature of collective action, while treating human behavior for what it is: the affirmation and actualization of a choice from a set of possibilities.” (Crozier & Friedberg, 1977, p. 122, personal translation). It also allows us to reconsider the way in which power is developed and exercised within a system of action, since, from this perspective, “power is a relationship and not an attribute of actors” (Crozier & Friedberg, 1977, p. 65, personal translation): It can only manifest itself, and thus become binding, through its implementation in a relationship of exchange and adaptation between several actors.

References

1. Crozier, M. & Friedberg, E. (1977). *L'acteur et le système : Les contraintes de l'action collective*. Paris: Éditions du Seuil.

3.4.2.1.2. Limitations and usefulness of the analytical framework for analyzing practices related to forensic DNA

The strategic actor framework of analysis has certain limitations, which have been highlighted by several authors. One of the main criticisms concerns its individualistic view of the actor, which minimises the influence of social and cultural structures. By emphasising the strategic ability of individuals to negotiate and manipulate their environment, Crozier and Friedberg underestimate the importance of social structures, norms and collective cultures. Renaud Sainsaulieu, for example, criticises the theory for reducing actors to their immediate interests, without considering the identity dimensions that influence their actions (Sainsaulieu, 1977). It is also criticised for having an overly reductionist view of power in that it circulates and results from local interactions between individuals. Systemic relations of domination are neglected (e.g. social class, cultural capital) and power is reduced to a simple capacity for local influence, whereas there are broader power dynamics at play (Martin, 2012). Furthermore, this theory proposes a narrow conception of power, perceived solely as a game of local influences between individuals, which neglects systemic relations of domination linked to social classes, cultural capital or institutional structures (Martin, 2012).

Similarly, it underestimates systemic constraints by asserting that the rules of the organisational game are constructed solely through the actions of actors, without taking into account institutional heritage or institutional constraints. Jean Leca and Burno Jobert regret that it reduces the state to a set of organisations without taking into account the ideologies and political legitimacy that structure institutions (Leca and Jobert, 1980). Another limitation lies in its limited explanation of organisational change. By considering that it is based solely on the ability of actors to change the rules of the game, Crozier and Friedberg struggle to explain major transformations in organisations and societies. Moreover, this theory does not take into account certain essential elements of human action. It ignores the role of emotions in the behaviour of actors, reducing their decisions to a strategic calculation of immediate benefits.

finally, although commonly used in organisational management, this theory, which is not widely used in sociology, was initially designed to apply to homogeneous and organised structures (Dion, 1993). It is therefore difficult to apply to contexts where actors do not share a common hierarchical framework. However, in the context of this research, the actors studied do not belong to the same homogeneous structure; their only commonality is their relationship to the same object, in this case the use of DNA in criminal matters.

Despite the limitations the strategic actor analytical framework remains relevant to this research. By studying the concrete system of action, strategic actor theory makes it possible to identify the actors' logic of action by assessing their knowledge of the framework of formal and informal rules that influence their ability to circumvent authority and exploit areas of uncertainty according to their interests. This theory thus analyzes the room for maneuver and practices developed around the existing legislative framework. One example is family research, which was already being conducted in

Belgium even before it was regulated by law, with the absence of an explicit prohibition leaving room for strategic appropriation by actors.

In addition to this room for maneuver, strategic actor theory makes it possible to identify the context, the exchange and negotiation relationships between actors, and the resources they have access to and can use to navigate the regulatory framework. It allows researchers to adopt a comprehensive approach from the perspective of each actor interviewed, chosen according to a sample covering the different points of the organization and which can be supplemented as new information becomes available. Cross-checking the testimonies collected gives researchers an external perspective that allows them to understand the interdependence and relative effectiveness of the strategy observed (Dion, 1993).

Strategic analysis is not limited to observing the behavior of actors; it can also guide interventions to improve cooperation and decision-making. It offers actors a better understanding of the dynamics that drive them, allowing them to adjust their strategies accordingly (Dion, 1993, pp. 997-998). Such an approach is particularly relevant when legislators, by restricting the application of regulations such as those governing the use of DNA in criminal matters fail to take into account certain actors and the relationships between them. In this research, the use of this theory is justified in that it allows us to establish the relationships between actors in the field and the underlying logic. It sheds light on their objectives, the issues that motivate them, the resources at their disposal, the constraints they face, and the strategies they deploy in their actions.

References

1. Cultiaux, J. (2019). *Analyse stratégique*. In A. Vandeveld-Rougale, P. Fugier, & V. de Gaulejac (Eds.), *Dictionnaire de sociologie clinique* (pp. 68–71). Toulouse: Érès.
2. Dion, S. (1993). Erhard Friedberg et l'analyse stratégique. *Revue française de science politique*, 43(6), 994–1008.
3. Leca, J., & Jobert, B. (1980). Le dépérissement de l'État : À propos de L'acteur et le système de Michel Crozier et Erhard Friedberg. *Revue française de science politique*, 30(6), 1125–1170.
5. Martin, D. (2012). L'analyse stratégique. *Revue européenne des sciences sociales*, 50(2), 93–114.
6. Sainsaulieu R., & Crozier. (1981). [Review of L'acteur et le système, by E. Friedberg]. *L'Année Sociologique* (1940/1948-), 31, 447–458.

3.4.2.1.3. Research questions

This theory could be translated as follows in the current research:

RQ1: *What are the constraints, resources and room for manoeuvre of those involved in the collection, analysis, interpretation, use or control of forensic DNA?*

RQ2: *What strategies are deployed by the various actors on the basis of forensic DNA?*

RQ3: *How does forensic DNA integrate or redefine pre-existing strategies?*

RQ4: *What power relations between actors are established on the basis of forensic DNA?*

3.4.2.2. Empirical data collection

3.4.2.2.1. Semi-structured interviews

3.4.2.2.1.1. Interview grid and initial contact

The first stage of empirical data collection was based on conducting semi-structured interviews.

A semi-structured interview is "a verbal interaction led in a flexible manner by the researcher, who will be guided by the pace and content of the exchange in order to address, in a manner similar to conversation, the general topics that they wish to explore with the research participant. Through this interaction, a rich understanding of the phenomenon under study will be constructed jointly with the interviewee." (Savoie-Zajc, 2009, p. 340, personal translation)

The semi-structured interview is constructed according to a data collection grid. This grid included the main phases of selection and use of information developed from forensic DNA analysis and comparison. It therefore consisted of open-ended questions covering seven broad themes, which included a series of sub-questions: 1) the distribution of roles among actors; 2) the selection of relevant DNA profiles; 3) the justification for analysis and comparison; 4) the interpretation of results; 5) the use of results. 6) Additional questions relating to the 2024 DNA Act; 7) Other aspects.

The grid was used in Flanders, Wallonia, and Brussels, and adapted to the participant's duties during the semi-structured interviews. A brief presentation with basic information was sent to the participants before the meeting to allow them to reflect in advance and to situate the research framework. At the beginning of the interview, the context and structure of the exploratory qualitative study were explained again. It was also specified that the interview would be a semi-structured conversation, in which participants were also free to discuss aspects that were important to them at the time of the meeting.

Participants also signed an informed consent form after being informed, among other things, of the anonymization of their personal data, the secure storage of the interviews, and their right to withdraw their consent at any time during the research.

3.4.2.2.1.2. Sampling

The diverse target group was constructed on the basis of analyses relating to the establishment of a formal map of the actors involved in the collection, analysis, interpretation, use, or control of DNA expertise. The objective was to gain an understanding of the chain of decisions that guided each stage of the process of producing and using DNA expertise.

The three diversification criteria used to constitute our sample of individuals for the survey were:

(1) Geographic distribution, meaning that participants came from French-speaking and Dutch-speaking regions of Belgium.

(2) The role held by the actors, for which we wanted to have at least one actor from among the nine identified in the theoretical actor analysis, namely: first responders, CSI, FPL, tactical police, magistrates (local and federal prosecutors, and investigating judges), forensic advisor, DNA expert, magistrate in the indictment division, and lawyer. It was decided not to conduct a semi-structured interview with the database manager, both for reasons of anonymity (as there is only one person in Belgium who performs this function) and neutrality (as the manager, Dr. Séverine Steuve, is a member of the research team).

(3) The experience of actors with forensic DNA. For judicial and police actors who are not specialists in forensic DNA, such as magistrates, lawyers, and members of the tactical police, it was decided to diversify the sample according to experience with forensic DNA, by contacting both DNA reference magistrates and people who were recommended to us as “specialists in the field,” and actors who, on the contrary, had no particular expertise on the subject other than their daily practical experience. This choice was motivated by the desire to obtain variability in the analysis of potential sources of power from which actors are likely to deploy strategies, and in particular the fact of having, or not having, specific technical expertise. While we consider this criterion to be relevant, it did raise difficulties in contacting participants.

Participants were therefore recruited using a mixed sampling approach based on established contacts and snowball sampling: some individuals were identified on the basis of their participation in previous research, while others were referred thanks to the advice and guidance of participants who had been identified first (redirection to other participants who were better able to respond to our request). Each potential participant was contacted by email. A clear explanation was given about the course of the meeting and the fact that the questions asked would concern their “practices relating to forensic DNA.”

In this regard, as mentioned above, we faced two difficulties: First, the limitations of the network usually mobilized in the context of INCC research on the topic of forensic DNA. We did not want to hear only from people who are familiar with the subject and who are accustomed to speaking about it, in order to gain insight into the current practices of those involved in this complex field. We therefore had to resort to other networks, notably those of INCC colleagues who had also worked with magistrates and police officers, but on topics other than forensics. The other major difficulty we encountered was getting people who did not consider themselves specialists in the field to participate. Magistrates, in particular, were very reluctant to participate in the research, almost systematically referring us to the DNA reference magistrate (often on the basis of lists that were no longer up to date) or to colleagues who “know more about it.” Although approx. 35 magistrates were contacted for interviews, only three agreed to participate in the research, including one former reference magistrate. It was also difficult to contact FPL technicians, as they had difficulty obtaining permission from their superiors to participate in the study.

Eight Dutch-language interviews and eight French-language interviews were conducted between May 8, 2025, and July 1, 2025.

For reasons of privacy and confidentiality, this report does not provide any information about the individuals who participated in our survey or the specific region in which they work. Only one criterion

relating to their linguistic affiliation was used to locate the participants (NL for participants from the Dutch-speaking parts of Belgium (Flanders), FR for participants from the French-speaking parts of the region (Wallonia and Brussels).

Position held	NL	FR
(1) First responders, local police	2	0
(2) CSI	1	0
(3) FPL	1	0
(4) Tactical police (PJF inspector / PJF specialised in missing person)	2	1
(5) Magistrates (Local prosecutor, federal prosecutor, investigative judge)	1	2
(6) Forensic advisor	1	1
(7) DNA expert	0	1
(8) Magistrate in the indictment chamber	0	1
(9) Lawyers	0	2
Total (16)	8	8

Table 1: Position, language and number of participants in the semi-directive interviews

3.4.2.2.2. Group analysis

3.4.2.2.2.1. Method and instructions

Group analysis is a method of data collection and analysis that is unique in that it directly involves the actors concerned by the problem under study in the entire process. (Campenhoudt, Franssen & Cantelli, 2009). The aim of this methodology is to address social phenomena in their relational, pluralistic, and conflictual construction, “in the dynamics of relationships between several actors with diverse representations, unequal resources, and often divergent interests.” (Campenhoudt, Franssen & Cantelli, 2009, p. 1, personal traduction). The method consists of collectively analyzing situations and experiences brought up and described by the participants themselves, and thus comparing the hypotheses of the participants and researchers, as well as their attempts at problematization. Group analysis, as developed by the aforementioned authors, follows a very specific roadmap that generally consists of four phases: (1) storytelling (selection and narration), (2) interpretations (roundtable discussions), (3) analysis (convergences and divergences, theoretical contributions, and proposals for hypotheses and problematization), and (4) practical perspectives for evaluation. Group analysis generally takes place over two days.

Given its dynamic and collective nature, we found this methodology particularly appropriate for strategic analysis, which involves identifying how actors interact and use their room for maneuver to deploy strategies, thereby reconfiguring the power relations and formal normative frameworks of the system of action. We also felt that it was appropriate for capturing “in real time” the tacit alliances between actors or, conversely, the tensions that may arise between them.

However, we had to adapt this method to the constraints of the research project, in particular the difficulty of participants being available for more than one day. This is why, on the day of the event, we only carried out part of the methodological approach recommended by the authors. Specifically, the narrative and interpretation phases were carried out in full, but the analysis phase stopped at the stage of identifying convergences and divergences by the researchers, presenting them to the participants, and taking note of the comments made by the participants regarding the proposed lines of analysis. It was agreed with the participants that a brief observation report based on these avenues of observation would be submitted to them at a later stage so that they could add any additional comments. The theoretical contributions and the production of research hypotheses, as well as the development of practical evaluation perspectives, were carried out retrospectively by the researchers.

In order to facilitate the process of choosing a narrative, we also asked participants to think about an exemplary narrative before the group session. To guide their selection, we sent them the following instructions one week before the day of the analysis:

“Describe in detail (1) a specific (anonymized) case in which you encountered a difficulty related to the collection, analysis, interpretation, or use of forensic DNA, (2) what you attempted to implement or did implement to achieve your objective, and (3) to what extent you believe this resulted in success or failure.”

3.4.2.2.2. Sampling

Sampling for group analysis was carried out according to the same diversification criteria as those used for the semi-structured interviews. However, particular attention was paid to balancing diversification with the interviews.

Two group analyses were carried out, one in Dutch and one in French. We contacted several actors from the nine functional categories mentioned above. However, we again encountered difficulties in mobilizing magistrates, particularly because the analyses took place during the start of the judicial year. For this reason, no magistrates were present during the Dutch-language analysis, which caused considerable dissatisfaction among the other participants, who expressed their incomprehension at the absence of such a central figure in the forensic process. For the French-language analysis, only one investigating judge agreed to be present, and no members of the public prosecutor's office. It was also impossible to obtain the participation of members of the FPL due to the refusal of their superiors.

We therefore conducted a Dutch-speaking group analysis on September 10, 2025, in which five actors participated, and a French-speaking group analysis on September 12, 2025, in which six actors participated.

For reasons of privacy and confidentiality, once again, only one criterion relating to their linguistic affiliation was used to locate the participants (NL for participants from the Dutch-speaking parts of Belgium (Flanders), FR for participants from the French-speaking parts of the region (Wallonia and Brussels)).

Position held (NL)	Number	Position held (FR)	Number
(1) First responders, local police	0	(1) First responders, local police	1
(2) CSI	1	(2) CSI	1
(3) FPL	0	(3) FPL	0
(4) Tactical police (PJF)	1	(4) Tactical police (PJF)	1
(5) Magistrates	0	(5) Magistrates (investigative judge)	1
(6) Forensic advisors	1	(6) Forensic advisors	1
(7) DNA expert	1	(7) DNA expert	1
(8) Magistrates, conviction chamber	0	(8) Magistrates, conviction chamber	0
(9) Lawyers	1	(9) Lawyers	0
Total	5	Total	6

Table 2: Position, language and number of participants in the group analysis

3.4.2.2.3. Data analysis

A total of 27 actors agreed to participate in the empirical data collection for the WP5, 13 Dutch speakers and 14 French speakers

Position held	NL	FR	Total
(1) First responders	2	1	3
(2) CSI	2	1	3
(3) FPL	1	0	1
(4) Tactical police (PJF)	3	2	5
(5) Magistrates			4
-Local Prosecutor	0	1	
-Federal Prosecutor	0	1	
-Investigative judge	1	1	
(6) Forensic advisors	2	2	4
(7) DNA expert	1	2	3
(8) Magistrates, conviction chambers	0	1	1
(9) Lawyers	1	2	3
Total	13	14	27

Table 3: Position, language and number of participants in the empirical study

The group analyses and interviews were recorded (audio) and notes were taken during the sessions. These recordings were transcribed in full, first using Wisper software and then manually cleaned up

The approach adopted is inductive (Blais & Martineau, 2006), and the content of all the qualitative research material collected was analyzed based on the strategic actor theory mentioned above.

The purpose of the semi-structured interviews is to gather information on the relationships between actors in the field and the underlying logic, and to shed light on their objectives, the issues that motivate them, the resources at their disposal, the constraints they face, and, ultimately, the strategies they deploy in their actions. The interviews therefore focus on how police and judicial actors operate today, in accordance with the existing legal and regulatory framework and the techniques currently available. The objective here is to use inductive analysis to highlight points of tension in the relationships between actors who are not always DNA specialists but who nevertheless play a decision-making or supervisory role in the selection and judicial use of information derived from DNA analysis and comparison. Three potential points of tension have been identified as research hypotheses: access to information and the management of uncertainty by the actors concerned, the interpretation of the normative framework, and the effectiveness of control over the decisions taken by the actors.

The group analysis then aimed to compare the material collected from the interviews with the spontaneous dynamics between the actors and the avenues of analysis that the latter themselves could propose. While the interview focused on understanding the actors' rationales for action and identifying areas of uncertainty, the objective of the group analysis was also to encourage them to reflect more specifically on their room for maneuver and the strategies deployed on the basis of this room for maneuver, in particular through the instructions sent to them. The collective dimension of the group analysis also made it possible to measure more precisely the convergences and divergences between the actors, and the alliances and tensions between them. The group analysis also proved to be a fertile ground for the exchange of "best practices" between actors who were explicitly keen to benefit from more opportunities to share information, as well as for the spontaneous co-construction of reform proposals aimed at improving the forensic action system.

While the main analytical framework is that of the strategic actor, the material was also analyzed thematically using a method similar to "grounded theory analysis" (Paillé, 1994; Strauss & Corbin, 1998), allowing connections to be made with scientific literature in the social sciences relating specifically to forensic expertise (Dumoulin, 2000; Renard, 2013), or to emerging forensic DNA techniques (Wienroth, 2018; Machado & Granja, 2020).

Finally, it should be noted that the research approach, which is qualitative in nature, is in no way intended to produce "representative" results, but rather to be open to a diversity of positions.

References

1. Blais, M. & Martineau, S. (2006), « L'analyse inductive générale : description d'une démarche visant à donner un sens à des données brutes ». *Recherches qualitatives*, 26(2), pp. 1-18.
2. Crozier, M. & Friedberg, E. (1977). *L'acteur et le système : Les contraintes de l'action collective*. Paris : Éditions du Seuil.
3. Dion, S. « Erhard Friedberg et l'analyse stratégique », *Revue française de science politique*, 1993, vol. 43, No. 6, pp. 994-1008.
4. Dumoulin L., (2000). « L'expertise judiciaire dans la construction du jugement : de la ressource à la contrainte », *Droit et société*, 44-45, pp. 199-223.
5. Machado H., & Granja R., (2020), *Forensic Genetics in the Governance of Crime*, SpringerNature.
6. Paillé, P. (1994). « L'analyse par théorisation ancrée ». *Cahiers de recherche sociologique*, (23), pp. 147-181.
7. Renard, B. (2013). *L'identification génétique et la discrétion des controverses scientifiques dans son usage par la justice pénale*. *Déviance et Société*, . 37(3), 289-303.

8. Strauss, A., & Corbin, J. (1998). *Basics of Qualitative Research: Techniques and Procedures for Developing Grounded Theory*. Thousand Oaks, CA: Sage Publications, Inc.
9. Van Campenhoudt L., Franssen A., et Cantelli F., « La méthode d'analyse en groupe », *SociologieS [En ligne]*, Théories et recherches, mis en ligne le 05 novembre 2009.
10. Wienroth, M., (2018). "Governing anticipatory technology practices. Forensic DNA phenotyping and the forensic genetics community in Europe." *New Genetics and Society* 37 (2), pp. 137-152.

3.4.3. Prospective scenarios and recommendations

The regulatory scenarios were constructed inductively, based on material gathered during semi-structured interviews and group analyses, and in light of the comparative law analyses carried out in WP4. These scenarios aim to generate policy recommendations for public authorities, grounded not only in a theoretical understanding of how DNA databases operate in Belgium, but also in an empirical analysis of the challenges faced by field actors and the strategies they develop to address them.

4. SCIENTIFIC RESULTS AND RECOMMENDATIONS

4.1 Work package 1 and 2: Influence of the criteria for the partial DNA profiles inclusion in the Belgian DNA Databases on their efficiency / Influence of the comparison criteria of two genetic profiles on the efficiency of the DNA Databases

4.1.1 Results Retrospective Study

The initial goal was to analyse the High Stringency CODIS matches recorded between 2021 and 2023, with a specific focus on matches involving seven to ten shared STR loci referred to as High 7, High 8, High 9, and High 10 matches. For each category, a sample of 100 matches was collected.

However, due to complications in the dataset, such as the presence of clustered profiles, the final number of usable data points was reduced (see Table 4).

High 7	High 8	High 9	High 10
33	61	27	50

Table 4: Number of datapoints per class

The remaining matches were analyzed using Popstat, a module within CODIS, to calculate the LR for all matches based on the current Belgian reference population. The results were visually represented using both boxplots and density graphs. A preliminary visual analysis was performed to explore the distribution of Log_{10} LR values within each category (see Figure 3). In addition, a summary table was created to report the key descriptive statistics derived from the boxplots, including medians, interquartile ranges, and extreme values (see Table 5).

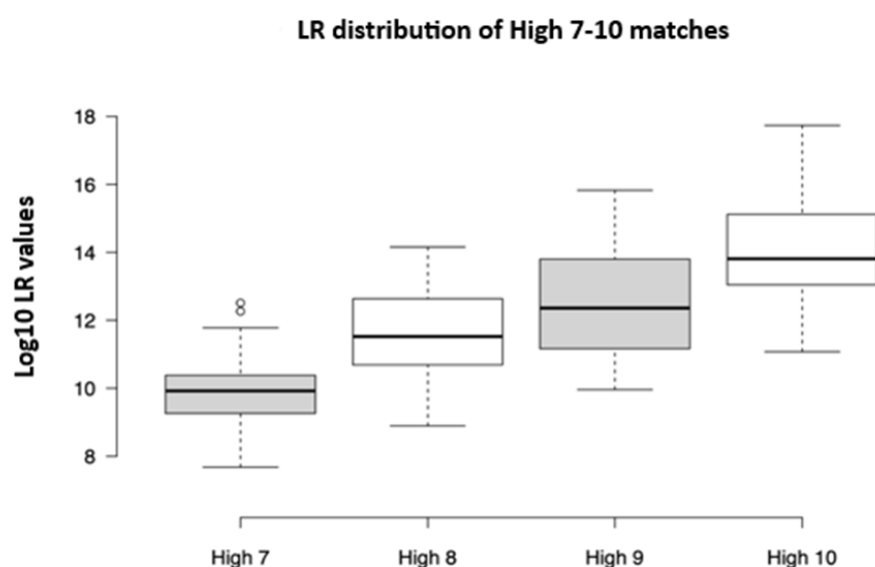


Figure 3: Boxplots of the Log_{10} LR values for the High 7 – High 10 matches

The two dots above the High 7 boxplot are outliers.

	High 7	High 8	High 9	High 10
Upper Fence	11.78	14.15	15.83	17.74
Q3	10.38	12.64	13.80	15.12
Median	9.92	11.52	12.36	13.81
Q1	9.26	10.69	11.17	13.05
Lower Fence	7.68	8.89	9.96	11.08
Nr. of data points	33	61	27	50

Table 5: Table summarizing the boxplot statistics

Lower Quartile (Q1): The median of the lower half of the dataset, representing the 25th percentile.

Median: The middle value of the dataset, indicating the 50th percentile.

Upper Quartile (Q3): The median of the upper half of the dataset, representing the 75 percentile.

Interquartile Range (IQR): The range between the lower and upper quartiles ($Q3 - Q1$) indicating the spread of the middle 50% of the data.

Upper Fence: A threshold used to identify potential outliers, calculated as $Q3 + 1.5 \times IQR$.

Lower Fence: Another threshold for identifying potential outliers, calculated as $Q1 - 1.5 \times IQR$.

Initial observations of the median values suggest potential differences in central tendencies among the various classes, particularly evident between High 7 (median = 9.92) and High 10 (median = 13.81). Notably, High 8 and 9 exhibit similar median values (11.52 and 12.36). These findings reflect the classification into different categories utilized in the DNA database expert workflow for High Stringency matches. Surprisingly, the boxplot for the High 7 group reveals a higher-than-expected distribution of Log_{10} LR values, with only 25% of the values falling below 9.26. A Log_{10} LR of 9.26 corresponds to a likelihood of approximately 1.83×10^9 , meaning that it is 1.83 billion times more likely that the two DNA profiles originate from the same individual than from two unrelated individuals. This result is unexpected, given that matches based on only 7 shared loci are typically considered risk matches, for which additional laboratory analysis is routinely requested. The high LR values observed in this group suggest that, in some cases, even matches with relatively few loci can provide strong evidential support.

To further explore the distribution of LR values, density plots were generated (see Figure 4). In addition, the degree of overlap between the distribution curves was calculated to quantify the similarity between groups and support comparative analysis (see Table 6).

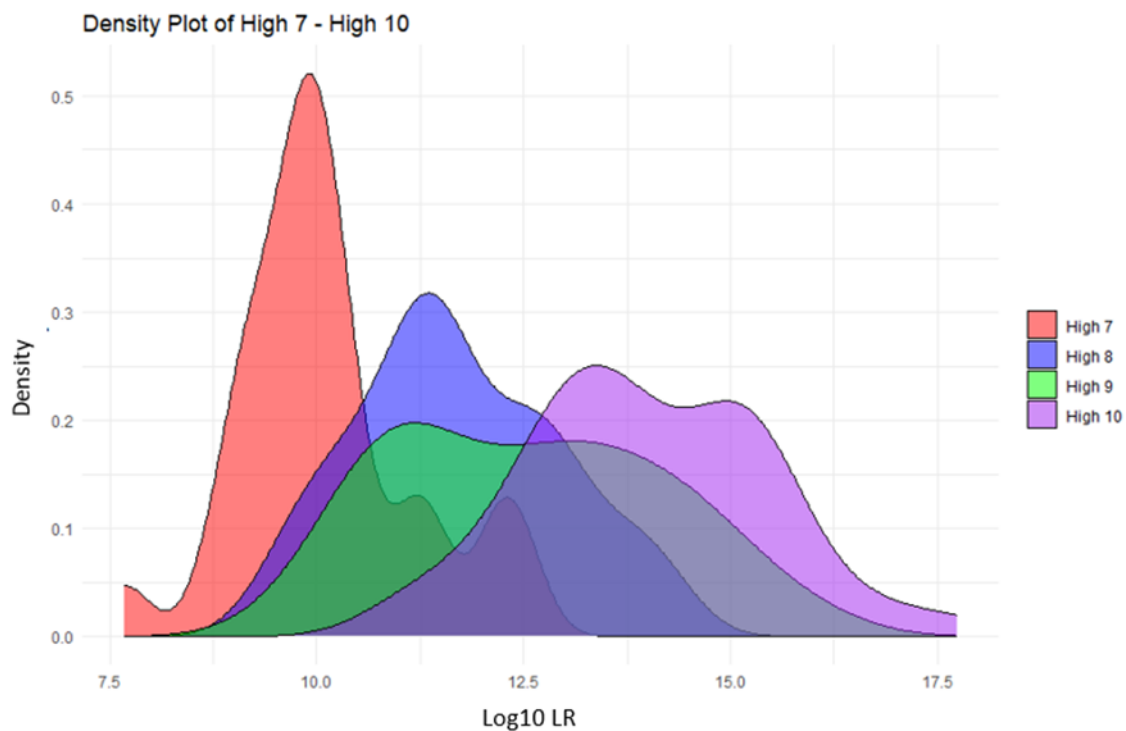


Figure 4: Density plots of the Log10 LR values for the High 7 – High 10 matches

Classes	Percentage overlap
High 7-8	31.0%
High 8-9	65.3%
High 9-10	53.2%

Table 6: Percentage in overlap between the different classes

The results indicate that all the density plots exhibit some degree of overlap. The highest overlap is observed between classes High 8 and 9, which was anticipated. However, there is also significant overlap between High 7 and 8, which is particularly noteworthy as it raises questions about whether some High 7 hits should also be classified as an immediate match based on the LR value.

A non-parametric statistical analysis was conducted using the Kruskal–Wallis test to evaluate potential differences among four distinct classes. The test yielded a p-value of 2.2×10^{-16} , which is well below the predefined significance threshold of 0.05. Consequently, the null hypothesis was rejected, indicating that at least one group differs significantly from the others. The post hoc Dunn test revealed no statistically significant difference between the High 8 and High 9 classes (see table 7). In contrast, all other pairwise comparisons yielded significant differences. Notably, the p-value for the comparison

between High 9 and High 10 approached the significance threshold of 0.05, suggesting a potential trend that warrants further investigation.

Comparison	p-value
High 7 - High 8	5.21E-04
High 8 - High 9	3.76E-01
High 9 - High 10	1.49E-02
High 7 - High 9	6.11E-06
High 7 - High 10	3.85E-17
High 8 - High 10	8.32E-09

Table 7: Dunn test results

Despite the limited sample size inherent to this small retrospective study, the findings offer valuable insights into the current classification criteria used in the Belgian national forensic DNA databases. In particular, the unexpectedly high Log_{10} LR values observed in the High 7 class raises critical questions regarding the necessity of automatically subjecting DNA matches with seven common loci to additional laboratory validation. Given that such confirmatory analyses entail increased financial and operational burdens, a reassessment of the existing workflow may be justified. Revisiting these criteria could enhance the efficiency of forensic procedures without compromising the reliability of match interpretation. Furthermore, this study underscores the importance of adopting an evidence-based approach that balances accuracy with effective resource allocation.

4.1.2. Statistical Calculations

4.1.2.1. Random Match Probability

Using an in-house generated RStudio script, Random Match Probability (RMP) values were calculated for all DNA profiles across each phase of the study, and the number of rare alleles per profile was recorded. The analysis revealed a consistent stratification in RMP distributions across locus classes: as expected, profiles with more loci yielded lower RMP values due to the increased genetic information. However, Phase 2 showed that some profiles with fewer loci also exhibited low RMP values, primarily driven by the presence of rare alleles. For example, the median $\text{Log}_{10}(\text{RMP})$ for 5-loci profiles was approximately -7 (equivalent to a random match probability of 1 in 10 million), with several outliers below -10 , indicating strong statistical uniqueness.

In terms of adventitious matches, only nine were observed in Phase 1, which included profiles with 10 or more loci. In Phase 3, despite the expansion of the database to approximately 300,000 profiles, the number of adventitious matches increased only slightly to 12. All of these matches involved profiles sharing just five or six loci, which under current operational procedures would trigger additional laboratory verification, such as peak height analysis, before confirming a match. These findings suggest that the current inclusion criteria of 10 or more loci is sufficient in preventing the formation of adventitious matches due to the presence of more informative DNA profiles in the database, even after approximately 10 years. In contrast, the inclusion of partial profiles in Phases 2 and 4 led to a substantial increase in adventitious matches, 1,835 and 3,274 respectively, mostly involving profiles with five to eight shared loci. While most of these would be filtered out by current comparison criteria, the increased volume would place a greater burden on forensic laboratories and the DNA database experts.

To address this, the study investigated whether an RMP threshold could be implemented to prevent the accumulation of low-informative profiles in the database. When comparing RMP distributions between profiles that led to adventitious matches and those that did not, a clear distinction was observed: adventitious profiles generally had higher RMP values within their respective locus classes (see Figure 5).

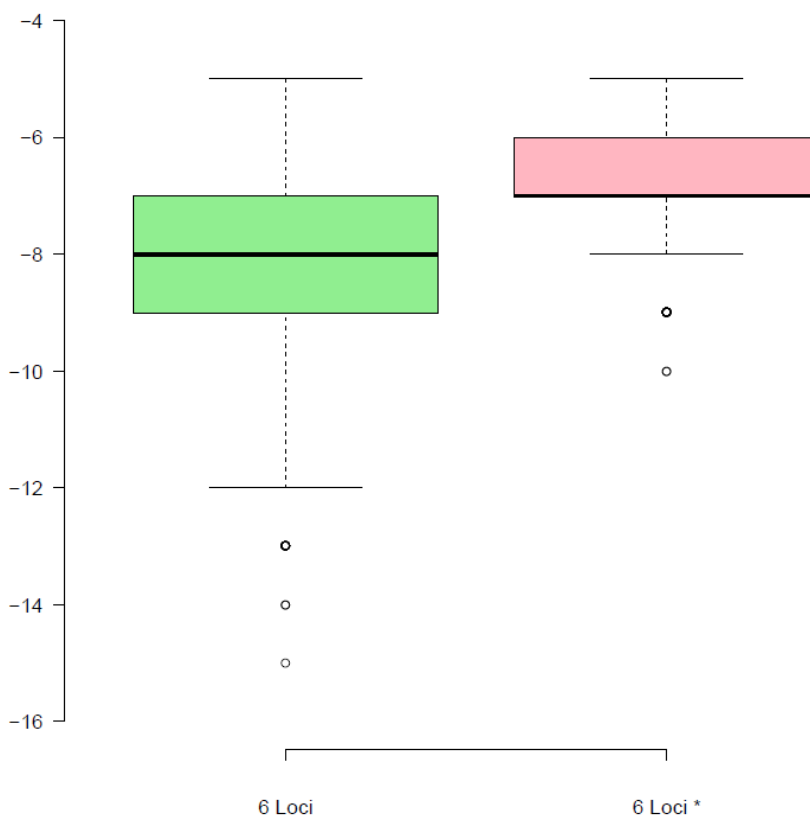


Figure 5: $\text{Log}_{10}(\text{RMP})$ distribution of 6-locus DNA profiles found in adventitious matches (red) versus profiles not involved in adventitious matches (green)

This suggests that an RMP-based threshold could help reduce the risk of adventitious matches. However, some DNA profiles had relatively low RMP values due to rare alleles and still formed adventitious matches. This is because the rare alleles were not present in the shared loci responsible for the match. This highlights a limitation of relying solely on RMP thresholds: overly strict thresholds may exclude statistically valuable profiles.

To mitigate the risk of excluding statistically valuable profiles while still preventing adventitious matches, a combined evaluation strategy is recommended. Rather than relying solely on a strict RMP threshold to avoid the formation of adventitious matches, this approach integrates both inclusion and comparison criteria. By allowing profiles with slightly higher RMP values into the database and applying a likelihood ratio (LR) threshold during the comparison phase, potentially adventitious matches can still be effectively filtered out. This balanced strategy ensures the inclusion of informative profiles while maintaining the reliability of match interpretation.

4.1.2.2. Likelihood Ratio

To evaluate the effectiveness of Likelihood Ratio (LR) values in distinguishing genuine from adventitious matches, LR calculations were performed for all potential hits in the CODIS test environment using an in-house automated RStudio script. This approach enhanced both efficiency and consistency, while also recording the number of rare alleles shared per match.

The analysis revealed a clear trend: matches with a higher number of shared loci generally yielded higher LR values, indicating stronger evidential support. However, matches with only five to seven shared loci often still produced high LR values, particularly when rare alleles were present. In some cases, these low-locus matches demonstrated comparable or even greater evidential strength than matches with more loci.

Despite the robustness of current comparison criteria (as shown in Phases 1 and 3), a substantial portion of matches requiring manual review were adventitious, placing a notable burden on the DNA database expert and the forensic laboratories. LR distributions showed that adventitious matches consistently had lower LR values than genuine ones, suggesting that an LR threshold could effectively filter out false positives (see Figure 6).

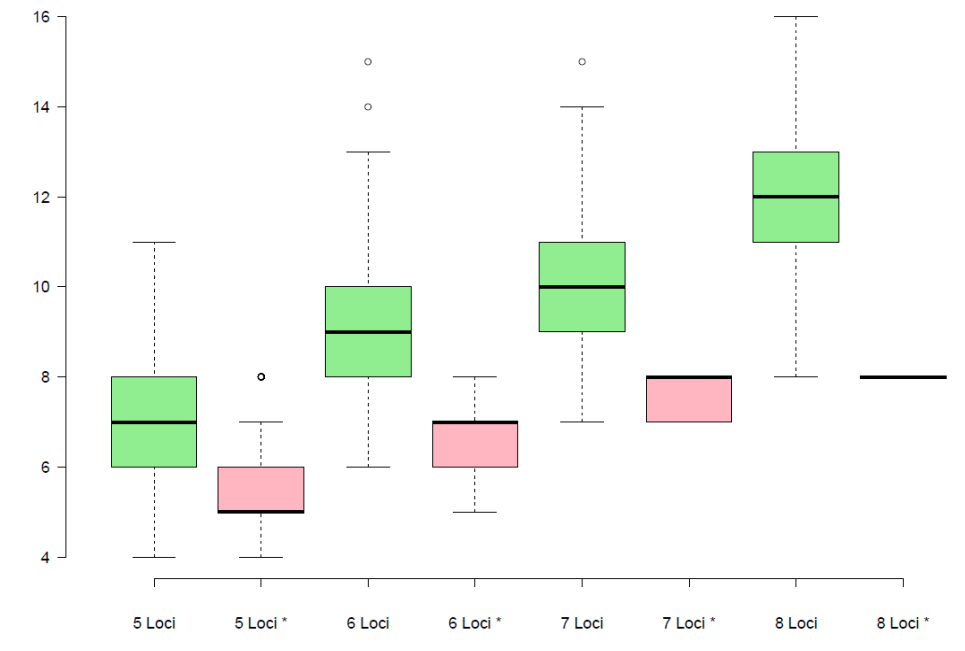


Figure 6: Distribution of $\text{Log}_{10}(\text{LR})$ values for genuine (green) and adventitious matches (red), categorized by the number of shared STR markers between DNA profiles

Analysis across all phases showed that applying a $\text{Log}_{10}(\text{LR})$ threshold of ≥ 9 would exclude all adventitious matches observed in Phases 1 through 4, while retaining the majority of genuine matches. A $\text{Log}_{10}(\text{LR})$ of 9 corresponds to a likelihood ratio of 1,000,000,000 meaning the observed DNA profile is one billion times more likely if the person is a contributor than if they are not. Under current comparison criteria in phase 1, 158 CODIS hits with five to seven shared loci would require laboratory review. Applying the LR threshold would reduce this number to 56, significantly lowering the workload while maintaining match reliability.

These findings demonstrate that implementing a $\text{Log}_{10}(\text{LR})$ threshold not only improves the accuracy of match classification but also enhances operational efficiency by reducing the number of cases requiring laboratory follow-up.

4.1.2.3. Combined evaluation RMP and LR

While the separate evaluation of Random Match Probability (RMP) and $\text{Log}_{10}(\text{LR})$ thresholds provides valuable insights into their individual effectiveness, it is ultimately the combination of both parameters that determines the overall efficiency of a DNA database. As previously demonstrated, applying an RMP threshold can help prevent the inclusion of weak DNA profiles. However, this does not guarantee the avoidance of weak matches. Conversely, the LR threshold is effective in filtering out weak matches but does not prevent the accumulation of inefficient profiles within the database, which may reduce its overall discriminatory power.

Therefore, a combined analysis of both thresholds is warranted to assess whether increasing the RMP threshold could allow for a reduction in the LR threshold, by limiting the presence of weak profiles in the database. This approach is particularly relevant for partial DNA profiles containing fewer than 10

markers, where the risk of adventitious matches is inherently higher and the need for robust filtering criteria is more critical.

For each phase of the study, an analysis was performed to assess the impact of varying RMP and LR thresholds. For every threshold level, the number of DNA profiles that would be included in the database was calculated, along with the number of profiles that would be excluded relative to the original dataset. Subsequently, the number of matches involving profiles that met both the RMP and LR thresholds was evaluated. A distinction was made between genuine matches and adventitious matches, based on both inclusion and comparison criteria.

4.1.2.3.1. Phase 1

Following a detailed analysis of Phase 1, it was determined that implementing an additional RMP threshold is unnecessary. The existing inclusion criteria, requiring a minimum of 10 loci per DNA profile, already prevent the accumulation of low-informative profiles and effectively limit adventitious matches. In fact, only nine such matches were observed in a database containing approximately 150,000 DNA profiles, demonstrating the robustness of these criteria and reducing the need for an additional RMP threshold.

Further investigation revealed that the $\text{Log}_{10}(\text{LR})$ threshold could be safely lowered to 7 without introducing false positives, even when partial matches were considered. Under these conditions, the LR alone provides sufficient discriminatory power, rendering the RMP threshold functionally irrelevant. The findings support a hybrid approach to match classification (see Figure 7):

- Matches with LR values $\geq 10^9$ can be automatically classified as genuine due to their high statistical certainty.
- Matches with LR values between 10^7 and 10^9 have a low theoretical probability of being adventitious but possess lower evidential strength. These should be reviewed by DNA database experts, who may consider additional laboratory input.
- Matches with $\text{LR} < 10^7$ require careful evaluation due to the significantly increased probability of adventitious matches. Among such matches, 56% were adventitious and 44% genuine. Experts should assess whether the match involves profiles generated with older kits that analyzed fewer loci. If sufficient DNA material is available, reanalysis using modern kits may help strengthen the match and increase the LR value.

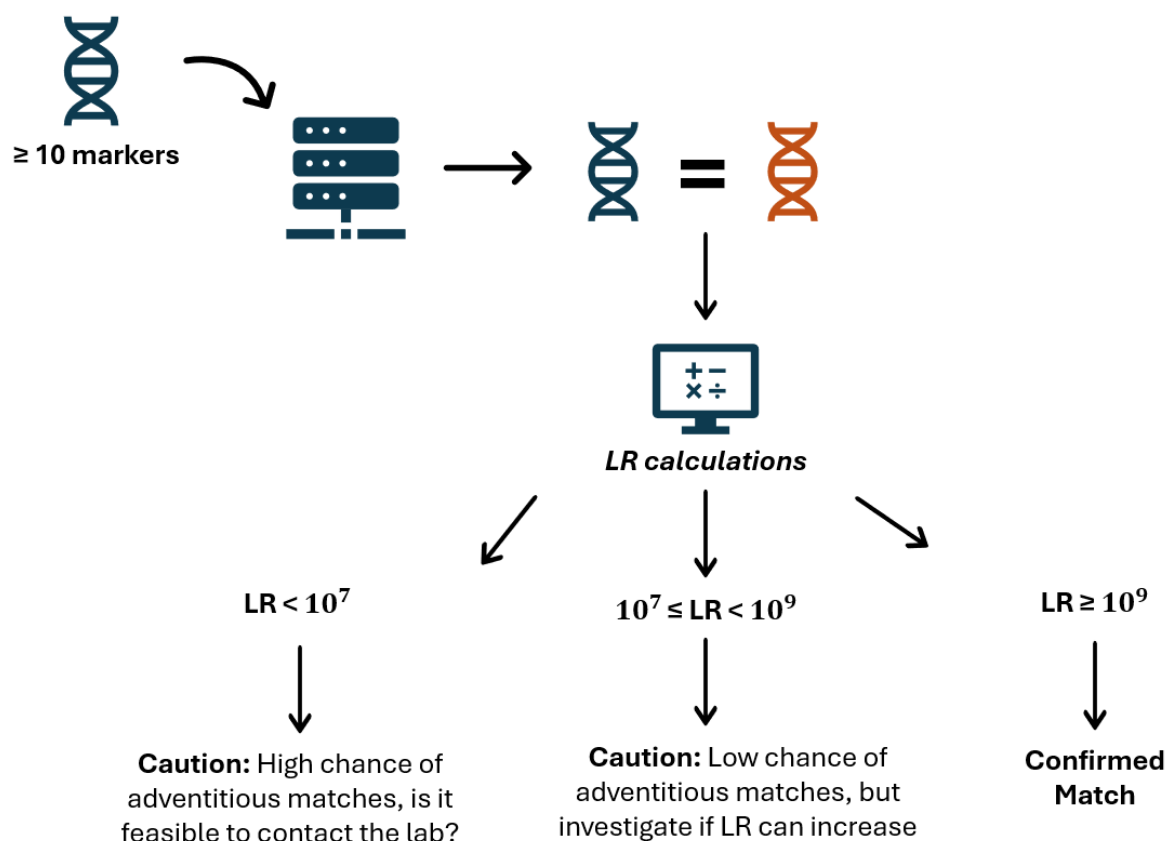


Figure 7: Suggested workflow for the DNA database expert in Phase 1, based on statistical data

In Phase 1, no RMP threshold is applied, as the inclusion criterion of DNA profiles with 10 or more markers sufficiently prevents the accumulation of low-informative profiles. To support expert decision-making, a hybrid approach to the LR threshold is recommended. Depending on the LR value of a match, different follow-up actions can be considered.

This reinforces the conclusion that an explicit RMP threshold is not strictly required. Instead, the proposed hybrid model (combining LR-based automation with expert review) offers a scientifically robust and operationally efficient framework for forensic DNA match determination.

4.1.2.3.2. Phase 2

In Phase 2, the inclusion of DNA profiles containing between five and nine loci led to a notable increase in adventitious matches, emphasizing the need for a more refined balance between LR and RMP thresholds.

For the RMP threshold analysis, a comparative analysis revealed that within the RMP range of 10^{-5} to 10^{-6} , 81% of matches formed with these profiles were adventitious and 19% genuine. In the 10^{-7} to 10^{-6} range, the proportion of genuine matches increased to 43%, with 57% being adventitious, almost evenly distributed. Profiles in this range retain evidential potential and may be strengthened through further laboratory analysis.

For the LR threshold analysis, the primary LR threshold of 10^9 remained effective in excluding false positives regardless of the RMP threshold. However, adventitious matches were observed within the

intermediate LR range of 10^7 to 10^9 . Although the number was low, this prompted an investigation into the feasibility of increasing LR values through additional allelic information.

An analysis of 8,684 DNA profiles demonstrated that the addition of one locus increased the LR by at least one log unit in 63% of cases, and by two or more in 37%. With two added loci, 99% of profiles showed an increase of at least two log units, and with three loci, 99% showed an increase of three or more. These findings suggest that matches initially assigned an LR of 6 or 7 can often reach the threshold of 9 if further allelic data is obtained.

To identify loci with the greatest impact on LR values, 43,690 full DNA profiles were analyzed. The loci SE33 and Penta E emerged as particularly influential, with SE33 increasing the LR by two log units in 93% of cases and Penta E in 33%. Other high-impact loci that increased the LR by one log unit included D1S1656, D2S1338, D3S1358, D7S820, D8S1179, D12S391, D13S317, D18S51, D21S11, FGA, vWA, and Penta D. These insights are valuable for database experts when evaluating matches involving profiles lacking these loci, especially in the context of differing commercial DNA kits used across laboratories. Therefore, a secondary LR threshold of 10^7 was again adopted to balance the identification of genuine matches with the minimization of adventitious ones. At this level, it remains feasible to increase LR values by two orders of magnitude through reanalysis, particularly when additional loci can be recovered.

Below the secondary threshold, the number of CODIS hits with $LR < 10^7$ increased substantially in Phase 2 compared to Phase 1, from 16 to 2,268 (without RMP filtering). This sharp escalation raises the question of whether a tertiary LR threshold is needed. Analysis of hits with $RMP < 10^{-6}$ and $LR < 10^6$ revealed that 99.6% were adventitious (795 out of 798), leading to the decision not to investigate matches below $LR = 10^6$. Although this excludes three genuine matches, it prevents unnecessary follow-up on 795 adventitious ones, optimizing resource allocation. Conversely, hits with LR values between 10^6 and 10^7 showed greater potential for strengthening, with 51% (361 out of 713) being genuine. These may warrant further investigation in specific contexts, such as high-profile cases or matches involving older DNA kits, where reanalysis using modern kits could elevate the LR to the preferred threshold of 10^9 .

The combined analysis of RMP distributions and the potential for LR enhancement through additional loci supports the adoption of an RMP threshold of 10^{-6} . This value strikes a balance between database inclusivity and the exclusion of low-informative profiles that increase the risk of adventitious matches. A three-tier LR threshold system further refines match evaluation (see Figure 8):

- $LR \geq 10^9$ allows for automatic classification as genuine; LR between 10^7 and 10^9 signals hits that may benefit from further analysis;
- LR between 10^6 and 10^7 requires cautious expert review, especially in specific contexts;
- Hits below $LR = 10^6$ are excluded from follow-up due to their high adventitious rate and limited potential for evidential strengthening.

This framework ensures a scientifically sound and operationally efficient approach to match classification in forensic DNA databases.

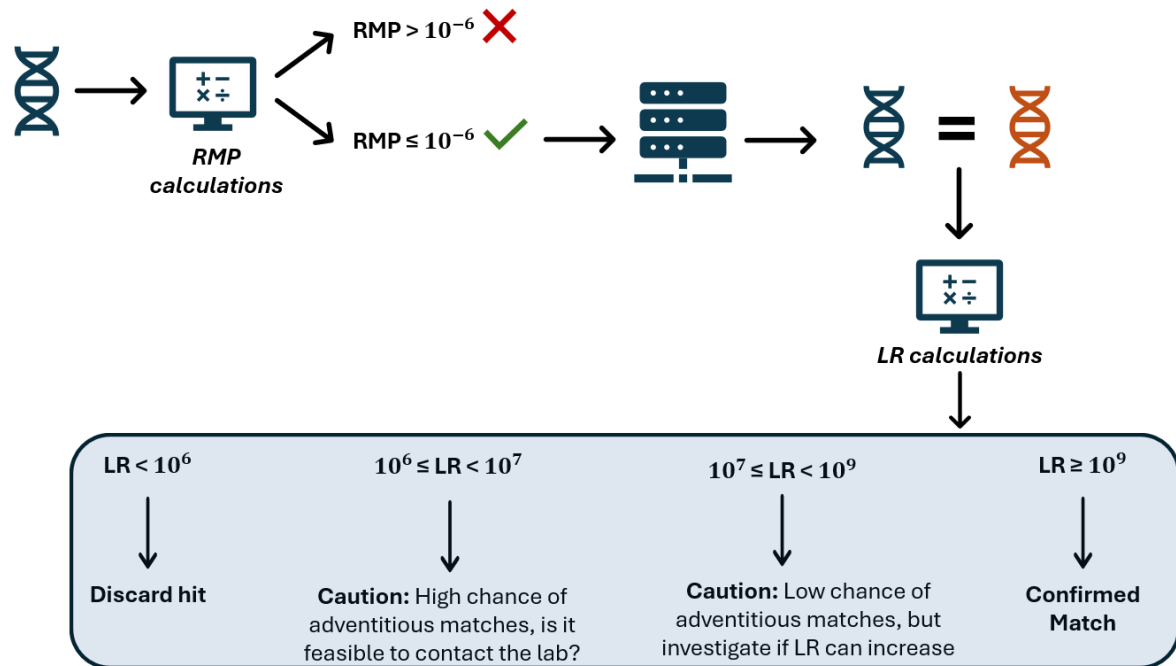


Figure 8: Suggested workflow for the DNA database expert in Phase 2, based on statistical data

In Phase 2, an RMP threshold of 10^{-6} is recommended to prevent the accumulation of low-informative DNA profiles. To support expert decision-making, a hybrid approach to the LR threshold is advised. Depending on the LR value of a match, different follow-up actions may be considered.

4.1.2.3.3. Phase 3

In Phase 3, only DNA profiles containing 10 or more loci were included, eliminating the need for an RMP threshold due to the inherently high discriminatory power of these profiles, as demonstrated in Phase 1. An LR threshold of 10^9 again proved sufficient to reliably distinguish genuine matches from adventitious ones, even as the database expanded.

Only 12 adventitious matches were observed, all involving profiles with strong individual RMP values (average $\text{Log}_{10}(\text{RMP}) \approx -15$). The adventitious nature of these matches was primarily attributed to the limited number of shared loci, typically five to six, between the compared profiles. Even the lowest observed RMP value (-10) reflected a strong profile, reinforcing the conclusion that an RMP threshold is not necessary in this phase.

Regarding the secondary LR threshold, lowering the threshold to 10^7 did not result in misclassification. However, at 10^6 , adventitious matches began to be incorrectly accepted as genuine, consistent with observations from Phase 1.

A secondary LR threshold of 10^7 is therefore recommended to support expert review. Below this level, 63% of hits were adventitious, confirming that further investigation is only justified in specific cases.

These findings reaffirm that, with profiles containing 10 or more loci, an RMP threshold remains unnecessary, and the LR-based workflow developed in Phase 1 continues to be effective and scalable as the database grows (see Figure 7).

4.1.2.3.4. Phase 4

Phase 4 aimed to evaluate whether the thresholds established in Phase 2 remain effective as the DNA database continues to expand. Repeating earlier analyses revealed a shift in match dynamics: the proportion of genuine matches decreased, while adventitious matches increased across all RMP distribution classes. The tipping point (where the distribution between genuine and adventitious matches was nearly equal) shifted from the $\text{Log}_{10}(\text{RMP})$ range $[-6; -7[$ in Phase 2 to $[-7; -8[$ in Phase 4, indicating that database expansion increases the likelihood of coincidental matches. This trend raises questions about the continued suitability of the RMP threshold of 10^{-6} . Lowering the threshold to 10^{-7} would exclude more low-informative profiles, particularly from the 5-loci class, and could help maintain match reliability. However, this comes at the cost of excluding potentially valuable genuine matches, underscoring the need for regular re-evaluation of inclusion criteria.

Despite the growth of the database, the primary LR threshold of 10^9 remains robust in preventing misclassification. The secondary threshold of 10^7 also continues to be valid, independent of the RMP threshold, allowing borderline matches to be strengthened through reanalysis.

However, the proportion of genuine matches in the LR range 10^6 – 10^7 drops significantly when combined with a stricter RMP threshold (10^{-7}), from 51% in Phase 2 to just 2% in Phase 4. Under these conditions there is an extreme high chance of having an adventitious match in the 10^6 – 10^7 LR range. Relaxing the RMP threshold to 10^{-6} restores the genuine match proportion to 36%, reducing the risk of adventitious matches and making further investigation more viable.

Unlike Phase 3, where thresholds remained stable over time, Phase 4 demonstrates that database size can affect threshold performance. While the LR threshold of 10^9 remains effective, both the RMP threshold and the secondary LR threshold require ongoing evaluation to maintain an optimal balance between database efficiency and match reliability.

Depending on the strategic priorities of the DNA database, two scenarios emerge for phase 4:

- **Scenario 1:** Prioritizing the prevention of overaccumulation of non-informative DNA profiles (see Figure 9).
- **Scenario 2:** Maximizing the identification of genuine matches while maintaining a low risk of misclassifying adventitious matches (see Figure 10).

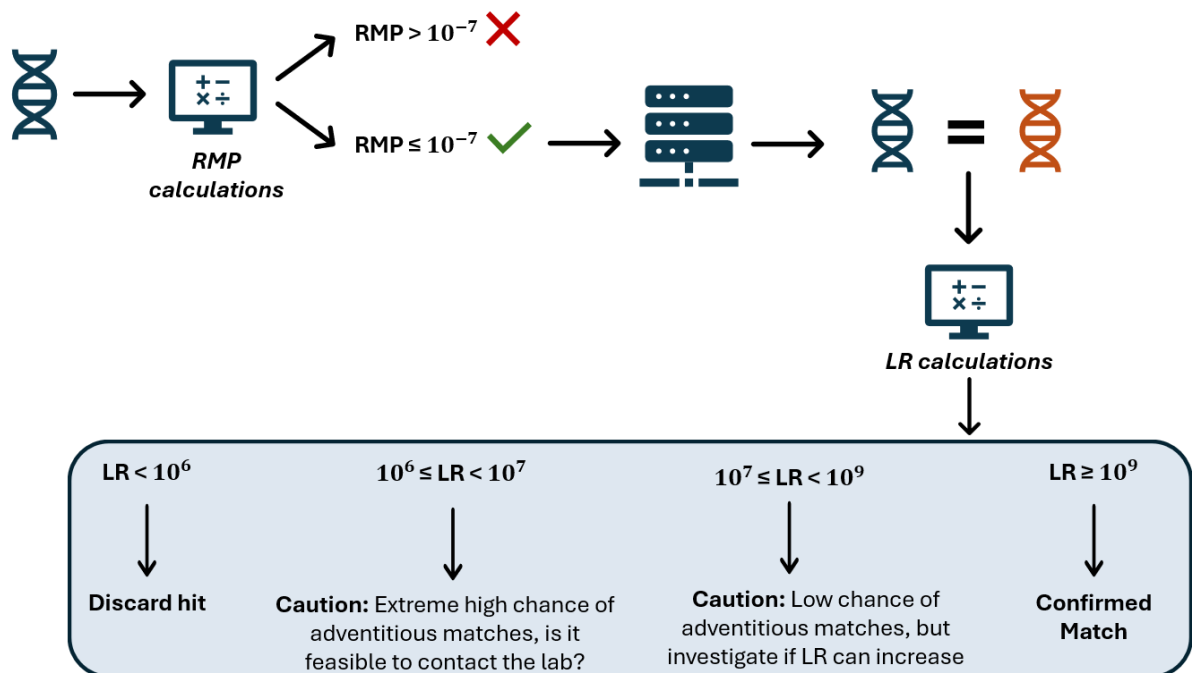


Figure 9: Suggested workflow for the DNA database expert in phase 4 when the priority is to prevent the accumulation of non-informative DNA profiles

In this scenario, an RMP threshold of 10^{-7} is applied to prevent the accumulation of low-informative DNA profiles. The LR threshold serves as a decision-making guide, determining the appropriate follow-up actions the DNA database expert may take based on the strength of each match.

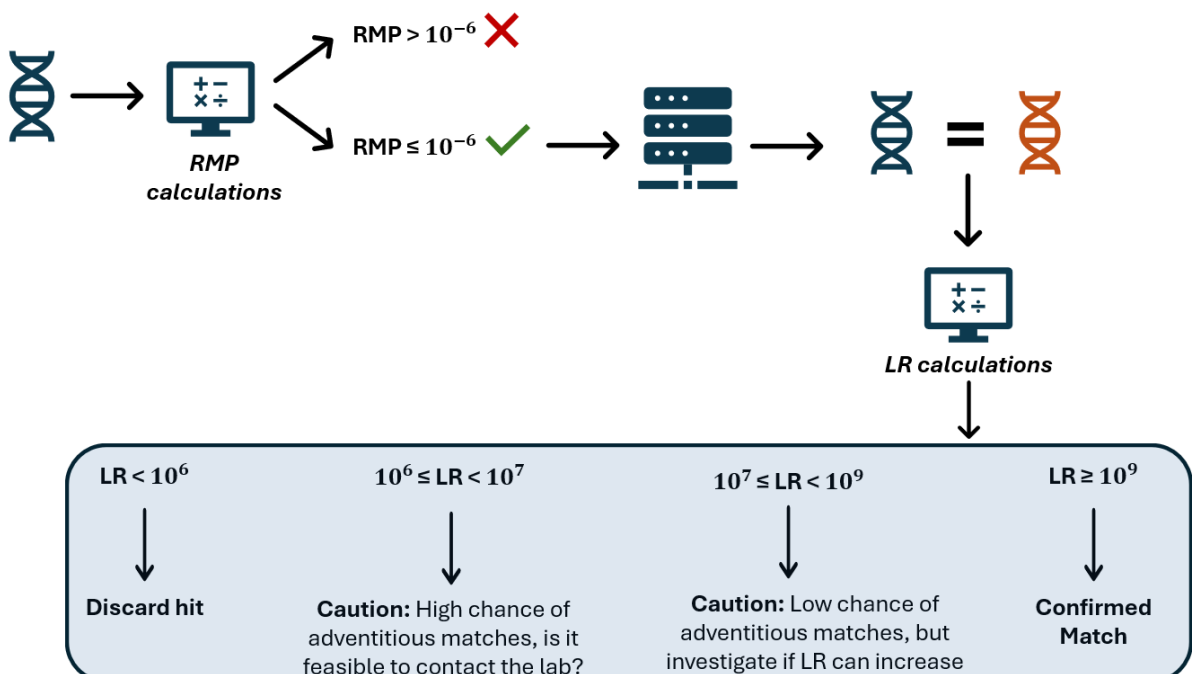


Figure 10: Suggested workflow for the DNA database expert in phase 4 when the priority is to maximize the identification of genuine matches, based on statistical data

In this scenario, an RMP threshold of 10^{-6} is applied to maximize the inclusion of DNA profiles. The LR threshold serves as a decision-making guide, determining the appropriate follow-up actions the DNA database expert may take based on the strength of each match.

4.1.3. Overall Conclusion of Statistical Analyses and Criteria Evaluation

This study highlights the value of incorporating statistical parameters into both the inclusion criteria for DNA profiles and the evaluation of database matches. Moving beyond a sole reliance on the number of markers, these methods emphasize the informational content of DNA profiles and CODIS hits, thereby strengthening the interpretation of match significance. Notably, profiles with fewer markers can still be considered valuable when they contain rare alleles that contribute to a high evidential weight.

The findings also demonstrate that the size of the DNA database directly influences the likelihood of adventitious matches, which in turn affects the reliability of threshold values. While the previously established LR threshold of 109 remains effective in preventing false positives, other thresholds, such as the RMP and secondary LR, require reassessment as the database expands.

To balance the need for comprehensive match detection with the risk of database saturation, hybrid strategies may be employed. For example, low-marker profiles could be included only in high-profile cases, or automatically removed after a defined retention period when linked to minor offenses. These approaches help reduce the accumulation of non-informative profiles and maintain the database's efficiency.

Ultimately, each DNA database operator must make these decisions in collaboration with forensic laboratories, considering legal, ethical, and operational frameworks to ensure optimal performance and integrity.

For Belgium, the current comparison criteria remain robust and are expected to remain effective for at least the next ten years. Nonetheless, improvements can be achieved by transitioning to a LR-based comparison method. This approach assigns a statistical value to each hit, reflecting its strength based on the content of the hit rather than the number of markers shared. Additionally, it reduces the workload for DNA laboratories, as fewer requests for supplementary information would be required.

If lower-marker DNA profiles were to be included, the implementation of both LR and RMP thresholds becomes necessary to maintain match reliability. However, the data indicate that expanding the database to include more profiles, while applying appropriate thresholds, can increase the number of genuine matches identified.

4.2. Work package 3: Choice of the reference population (allelic frequencies) to use in order to interpret a match between two genetic profiles

4.2.1. Comparison allele frequency populations (BE-CODIS, BE 2012 and STRidER)

As part of the development of a simulated national DNA database, a CODIS allelic frequency table was constructed, enabling a comparative analysis of allele frequencies across multiple populations. Data extracted in 2024 from the Belgian CODIS database (BE-CODIS), the currently used Belgian reference

population (2012), and the STRidER database data for Europe were examined to identify notable differences. STRidER is a curated reference database designed to support forensic genetics by providing high-quality allele frequency data for STR markers across different populations. It enables robust estimation of genotype probabilities and facilitates quality control in the analysis of autosomal STR data, ensuring consistency and reliability in forensic DNA interpretation [1].

Visual comparisons (see Figure 11-12) revealed notable frequency differences between populations, particularly for certain loci such as CSF1PO, where allele 11.0 showed a 4% variation between the BE-CODIS and Belgian reference populations. Differences were color-coded for clarity, with thresholds set to highlight variations.

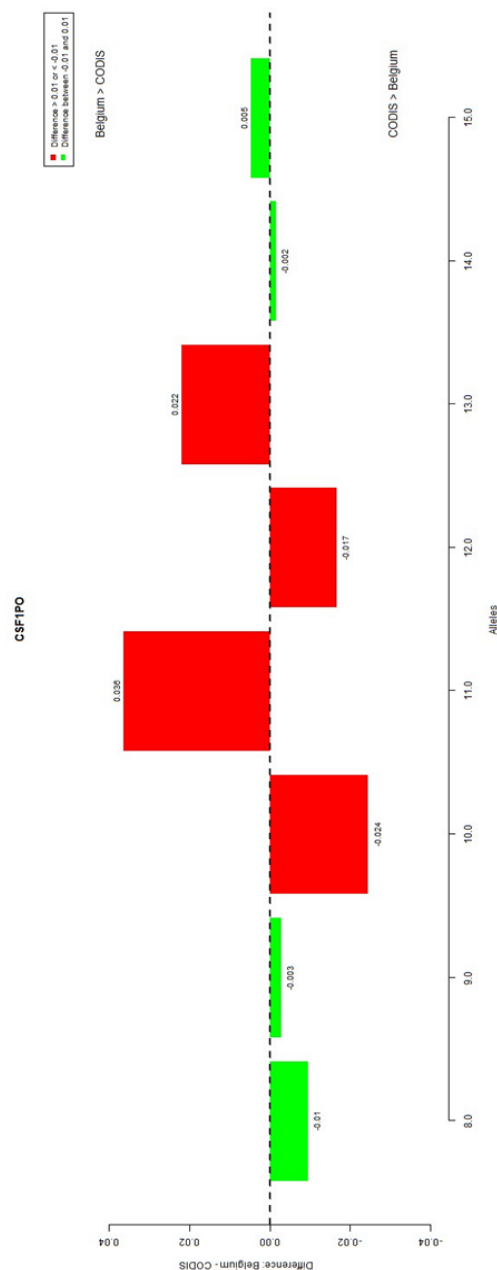


Figure 11: Visual representation of the difference in allelic frequency between BE-CODIS and Belgian reference population for locus CSF1PO.

In this figure, “CODIS” denotes the BE-CODIS reference population (extracted in 2024), while “Belgium” refers to the Belgian reference population (2012). Values below the zero line indicate a higher frequency in the BE-CODIS reference population compared to the Belgian reference population. Conversely, values above the line reflect a higher frequency in the Belgian population. Red bars represent differences greater than 1%, while green bars indicate differences smaller than 1%.

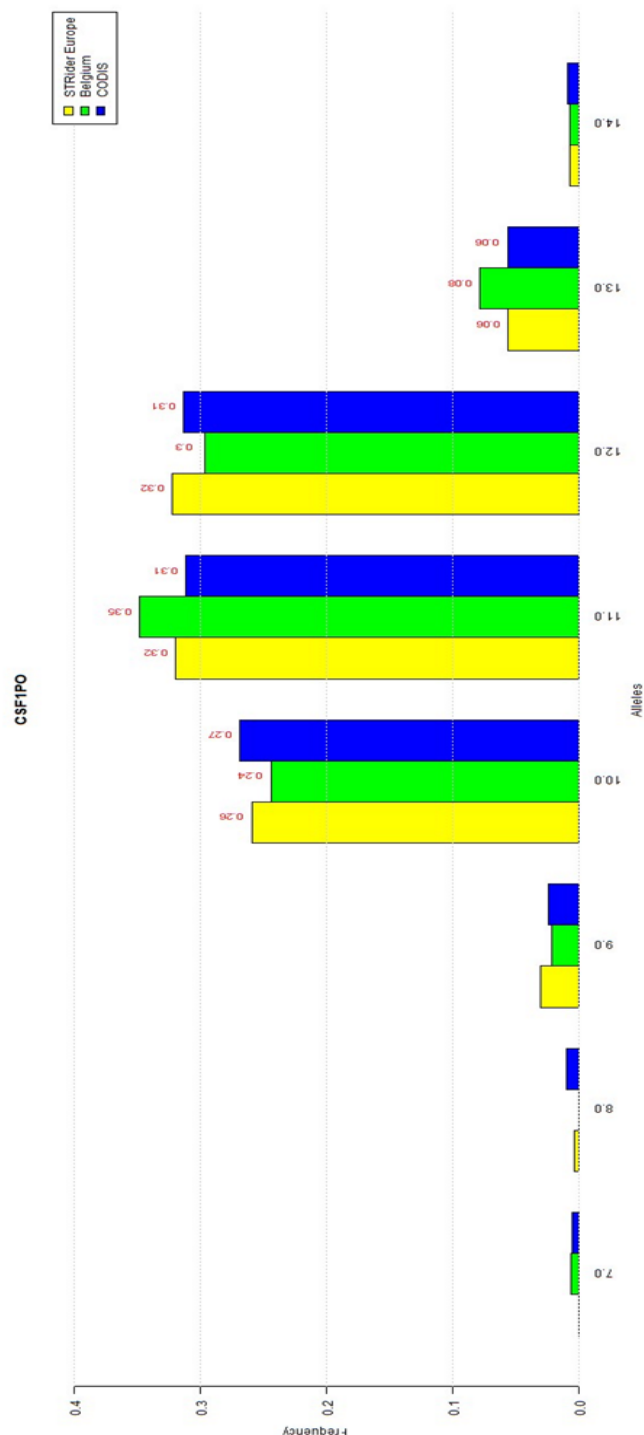


Figure 12: Visual representation of the difference in allelic frequency between BE-CODIS, Belgian reference population and STRider Europe data for locus CSF1PO

In this figure, “CODIS” denotes the BE-CODIS reference population (extracted in 2024), “Belgium” refers to the Belgian reference population (2012), and “STRidER Europe” represents the European STRidER dataset. Each bar represents the distribution of allelic frequencies within each population. When a difference greater than 1.5% is detected between populations, the specific allelic frequencies for each group are displayed above the corresponding bars in red.

The observed differences in allele frequencies between the BE-CODIS (2024), Belgian (2012), and STRidER reference populations demonstrate that notable variation exists across datasets. These findings highlight the importance of regularly reviewing and comparing reference populations. Given the observed differences between the BE-CODIS population and the Belgian population data from 2012, questions arise as to whether these discrepancies could significantly influence statistical calculations such as RMP and LR values. To explore this, the newly established BE-CODIS reference population was used to analyze 837 reference profiles from the BE-CODIS database. RMP values were calculated using both the Belgian allele frequencies (2012) and the BE-CODIS reference population (2024), allowing for a direct comparison of RMP distributions between the two datasets (see Figure 13).

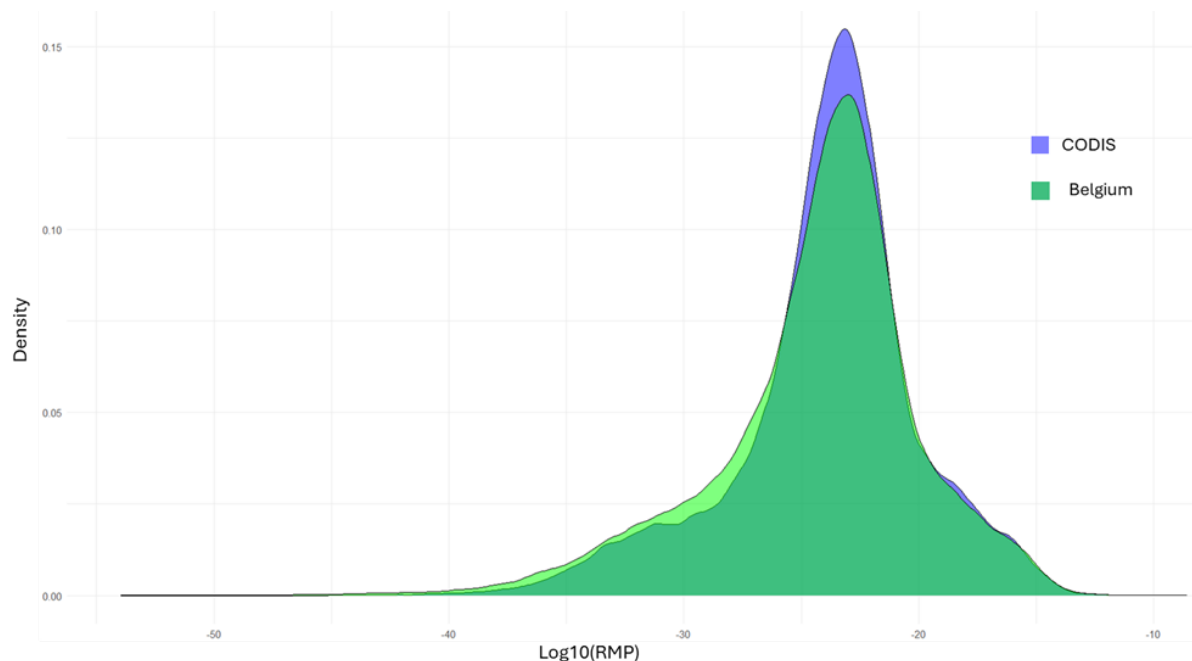


Figure 13: Density plot comparing Log10(RMP) distributions of 837 DNA profiles based on BE-CODIS and Belgian reference populations

In this figure, “CODIS” denotes the BE-CODIS reference population (extracted in 2024), while “Belgium” refers to the Belgian reference population (2012).

The resulting density plot shows no significant difference in RMP distributions between the Belgian and BE-CODIS reference populations. To further assess the impact, an additional analysis was performed to quantify the number of profiles exhibiting differences and to evaluate the magnitude of these variations (see Figure 14).

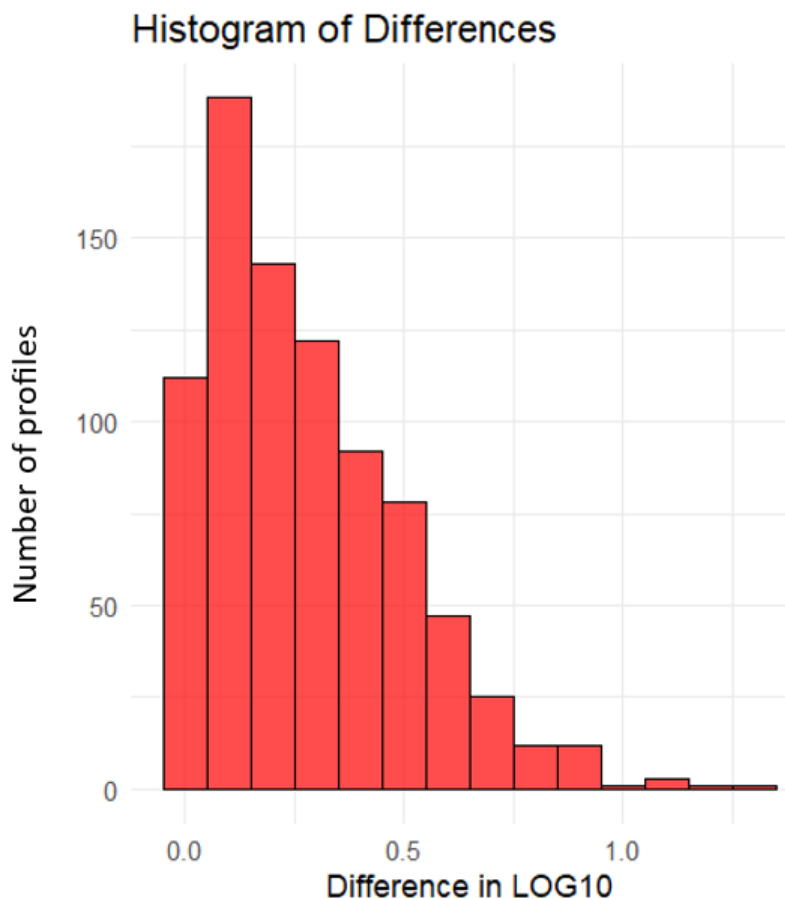


Figure 14: Distribution of Log₁₀ RMP differences between BE-CODIS and Belgian reference populations

Most profiles showed a difference in RMP values within the range of 10^0 to $10^{0.5}$. This indicates that the majority of profiles exhibit only minor differences in RMP values between the two reference populations, suggesting that the choice of population dataset in this case has limited impact on the overall statistical interpretation.

References

1. Bodner M., Bastisch, I., Butler, J.M., Fimmers, R., Gill, P., Gusmão, L., Morling, N., Phillips, C., Prinz, M., Schneider, P.M., Parson, W. (2016), 'Recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on quality control of autosomal Short Tandem Repeat allele frequency databasing (STRidER).', *Forensic Sci. Int. Genet.* 24, 97-102.

4.2.2. NICC | INCC Frequency Calculator

A validation study was conducted using ten artificially generated DNA profiles, each constructed based on allelic frequencies from three populations per continent. Preliminary results show that in approximately two-thirds of the cases, the correct region was ranked first, and in 80% of cases, the correct region appeared within the top two predictions.

While these results seem promising, it is important to emphasize that the tool provides probabilistic estimates rather than definitive conclusions regarding geographic origin. Complete accuracy cannot

be achieved, as for about 10% of the profiles the true region of origin received a calculated probability of 0%.

Furthermore, a bias was observed in which profiles originating from Europe were more likely to be correctly assigned to their region of origin compared to those from other parts of the world. This bias likely stems from the fact that the tool relies on published population data, and not all regions benefit from the same level of data quality, sampling coverage, or methodological consistency in generating allelic frequency tables.

Therefore, the program is not intended to serve as a standalone method for assessing the potential ancestral geographic origin of a DNA profile. Geographic estimation based on single nucleotide polymorphisms (SNPs) remains the more reliable and accurate approach. Further research, particularly involving adjustments to the calculation methods and parameter settings, may improve the tool's performance. However, based on the current results, the tool should not yet be considered suitable for practical application.

4.2.3. Rare Allele Finder

The tool was applied to examine differences in allelic frequencies between the BE-CODIS database and the Belgian reference population. For example, allele 6 at locus TPOX was absent in the Belgian dataset but present in the BE-CODIS database at a frequency of 0.006. When analyzed using the Rare Allele Finder with thresholds of 0.01, the allele showed high prevalence in Sub-Saharan African populations, suggesting that it may be more common among individuals with Sub-Saharan African ancestry than among those from European populations.

This finding implies that the absence of certain alleles in the Belgian reference population may result from underrepresentation of specific subpopulations, such as individuals of Sub-Saharan African descent, in the original dataset. The Rare Allele Finder thus may provide a valuable tool for identifying potential population-specific markers and assessing the completeness of reference databases.

4.2.4. Overall conclusion allelic frequency analysis

The conducted analyses confirm that allele frequency differences between populations can have a measurable impact on RMP calculations. Although the comparison between the Belgian reference population and the BE-CODIS database showed minimal influence on statistical outcomes, broader comparisons across global populations revealed substantial variation. These differences were systematically identified using the NICC | INCC Frequency Calculator, which enabled systematic evaluation of DNA profiles across diverse population datasets. Such findings highlight the importance of considering population-specific data in forensic genetics.

Moreover, the observed variability offers potential for geographic predictions, where STR data may contribute to estimating the likely ancestral origin of a DNA profile. While these estimations remain probabilistic and require further research it might be a promising avenue for supporting ancestry assessments.

4.2.5. Future perspectives

After establishing the simulated national DNA database for Belgium, the test environment can be further expanded or repurposed for additional applications.

One possible extension involves the incorporation of mixed DNA profiles to create a more realistic setting and to investigate the Moderate Stringency matches. An in-house RStudio script has already been developed to generate such mixtures. Building on previously created partial single-source profiles, the script combines two or more individual profiles to simulate mixtures representing multiple contributors. The principle is straightforward: degraded single-source profiles are merged to mimic complex DNA samples. The script allows for mixtures with varying numbers of contributors and applies consistent naming conventions and match classifications, aligned with those used for single-source profiles. This ensures a clear distinction between genuine and adventitious matches.

In addition, familial relationships can be simulated by combining two previously generated DNA profiles to produce a new single-profile representing their offspring. This functionality can be implemented through in-house tools or by using existing online resources. Beyond expanding the test environment, the database can also support validation processes, such as investigating the “floating moderate” function in CODIS or similar system settings.

Finally, the concept of the project can be extended to other genetic markers, including Y-chromosome short tandem repeats (Y-STRs) and mitochondrial DNA, thereby broadening its applicability in forensic genetics. With the introduction of the new DNA legislation in 2024, these types of DNA profiles may now also be retained in the national DNA database. This development further underscores the importance of establishing robust validation methods to ensure their reliable integration and effective use in forensic investigations.

4.3. Work package 4: Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

4.3.1. Results of Task 4.1 – Analysis of International Law

The first task of WP4 aimed to identify the legal invariants that necessarily frame the use of DNA technology in criminal matters. These invariants constitute the part of the normative framework over which the Belgian legislator — as well as other Member States of the Council of Europe and of the European Union — has no control, either because they stem from hierarchically superior norms or because they result from binding international commitments. Their identification therefore constitutes an indispensable step for any regulatory undertaking: it delineates the boundaries of the field of possible regulatory scenarios, prior to any comparative reflection (Task 4.3) or prospective analysis (Task 4.4).

The work carried out resulted in two detailed synthesis notes, respectively devoted to:

1. fundamental rights and guarantees applicable to the use of DNA in criminal matters (notably on the basis of the case law of the European Court of Human Rights and of the Court of Justice of the European Union);

2. the “Prüm” framework, which governs the automated exchange of DNA data between certain Member States of the European Union, including its revised version introduced by the “Prüm II” Regulation adopted in March 2024.

These two notes were drafted with a view to constituting reference tools. Their density reflects the intention to restore the full range of legal nuances useful for the continuation of the project: comparative-law analysis, the establishment and assessment of prospective regulatory scenarios, and the drafting of future scientific publications.

4.3.1.1. Note on international legal invariants (document 4.1.1/1 - extract reproduced in annex; full document available upon request)

The first part of this note is devoted to the study of international instruments defining the applicable legal framework. It distinguishes two major normative sets: on the one hand, those stemming from the Council of Europe, foremost among which are the European Convention on Human Rights and the case law of the European Court of Human Rights; on the other hand, those emanating from the European Union, such as Regulation 2016/679 (“GDPR”) and Directive 2016/680, as interpreted by the Court of Justice of the European Union. This first part establishes the legal foundations upon which any regulation of the use of DNA technology in criminal matters must rest.

The second part addresses the implications of the use of biological material in light of fundamental rights. It examines, successively, the impact of these practices on the right to physical integrity, the right to a fair trial (through issues relating to the administration of evidence, the right to silence, and the presumption of innocence), as well as the right to private life, both at the stage of collection and at that of retention of biological samples. The principles of non-discrimination and of legality of penalties are also analysed, in order to assess the compatibility of the use of genetic data with these fundamental guarantees.

4.3.1.2. Note on the invariants of the “Prüm” framework (document 4.1.1/2 - extract reproduced in annex; full document available upon request)

This synthesis note is structured in two main parts. The first part retraces the genesis of the “Prüm” framework and its evolution, in order to situate the emergence and progressive construction of this mechanism within its political and legal context.

The second part focuses on the legal framework governing the automated exchange of DNA data under the “Prüm” mechanism. It first examines the general rules laid down by the “Prüm” decisions, the prerequisites imposed on Member States, the characteristics of the data transmitted, as well as the procedures for the collection and exchange of DNA profiles. It then turns to the analysis of the reform introduced by the “Prüm II” Regulation, addressing the purposes of exchanges, the architecture of the regulation, the post-hit procedure, the integration of Europol, the expansion of data categories, compliance with personal data protection requirements, and interoperability with other European Union information systems.

This note makes it possible to articulate a clear and progressive reading of the “Prüm” framework, moving from its historical origins to its current legal regime, while highlighting the legal invariants that strongly structure — and are likely to continue to structure for a long time — this system of DNA data exchange.

4.3.1.3. Synthesis report on tasks relating to international legal analysis (document 4.1.1/3)

A transversal synthesis report aimed at cross-referencing the contributions of the two preceding notes was also drafted. This document highlights the possible articulations between European norms and national choices, and lays down consolidated legal foundations useful for comparative analysis and the construction of scenarios.

4.3.1.4. Key findings from Task 4.1

Three major findings emerge from this stage of the research:

4.3.2.4.1 European case law plays a decisive role in defining the scope of legislative discretion

European case law, particularly that of the European Court of Human Rights, plays a central role in shaping the legal framework governing the use of DNA technology in criminal matters. It imposes a rigorous method of analysis for any DNA-based interference, requiring a clear legal basis, the pursuit of a legitimate aim, and compliance with a reinforced principle of proportionality, in light of the particularly sensitive nature of genetic data.

Article 8 ECHR serves as the core standard in this regard. The Court considers that any operation involving DNA (collection, analysis, storage, or cross-referencing) constitutes an interference with private life, which may also affect physical integrity and, in certain cases, family life. Its case law emphasizes that indiscriminate or prolonged retention of DNA profiles, the absence of effective procedural safeguards, or the use of data beyond mere identification are hardly compatible with Convention requirements.

The Court of Justice of the European Union reinforces this approach by classifying genetic data as particularly sensitive, whose processing must be strictly necessary, purpose-limited, and accompanied by high-level safeguards. As a result, the national legislator does not enjoy full discretion: its choices must fall within a European legal framework that tightly constrains the validity of any regulatory options.

4.3.2.4.2 The “Prüm” framework sets binding limits for all Member States

It determines the scope of data eligible for cross-border exchange, the applicable technical standards, the structure of information flows, and the constraints related to the protection of personal data.

With “Prüm II,” the mechanism becomes broader and more integrated: it foresees an extension of data categories, introduces more precise rules regarding purpose limitation, strengthens the role of Europol, and enhances interoperability with other European information systems.

These elements impose a form of minimal harmonisation, limiting the ability of any Member State to unilaterally amend its own domestic framework.

4.2.3.4.3 These legal invariants are essential to the subsequent phases of WP4

The legal invariants identified above serve to delimit the scope of feasible regulatory scenarios, guide the comparative-law analysis by distinguishing national political choices from supranational constraints, and provide a stable legal foundation that cannot be challenged by scientific developments alone.

4.3.2. Results of Task 4.2 - Analysis of the law applicable within the Belgian legal order

Following the analysis of legal invariants carried out under Task 4.1, Task 4.2 aimed to examine the Belgian legal framework applicable to the use of DNA technology in criminal matters, as well as to identify uncertainties, grey areas and tensions between these rules and field practices. The objective of this phase was twofold: on the one hand, to establish a comprehensive overview of the applicable legal framework, integrating recent legislative developments; on the other hand, to identify specific issues linked to certain emerging practices that remain weakly regulated or generate legal tensions. The results are therefore organised into two complementary strands: the analysis of positive law and the drafting of targeted thematic notes.

This phase of the research was conducted in a context of significant change, marked in particular by the adoption of a major reform: the Law of 7 March 2024, which entered into force on 1 March 2024. This timing had a strong impact on the results of the task, since several notes — including the four thematic analyses and the first general note on Belgian law — were drafted prior to this reform and therefore do not reflect the state of the law resulting from the 2024 legislation. Conversely, two outputs — the article published in the *Journal des Tribunaux* and the opinion delivered to the Minister of Justice at his request on the draft bill — constitute updated analyses that explicitly take into account the legislative changes (or proposed changes).

4.3.2.1. The evolution of Belgian law: from the 1999 law to the 2024 reform

This phase of the research resulted in a synthesis note retracing the evolution of the Belgian legislative framework governing the use of DNA technology in criminal matters (*document 4.2.1/1*). This work was initiated and completed prior to the adoption of the Law of 7 March 2024. It addresses in particular the first law in this field, dated 22 March 1999, the major changes introduced by the 2011 reform, the gradual establishment of DNA databases (forensic, convicted persons, missing persons, etc.), as well as the conditions for sampling and retaining biological material.

With the adoption of the Law of 7 March 2024, the legal framework was profoundly reworked. In order to take these changes into account, two new contributions were produced: a scientific article published in the *Journal des Tribunaux* (*document 4.2.1/2*), and an opinion addressed to the Minister of Justice (*document 4.2.1/3*), at his request, prior to the submission of the bill.

The *Journal des Tribunaux* article provides a detailed account of the main innovations introduced by the reform: the abandonment of the distinction between coding and non-coding DNA, the authorisation of phenotyping under strict conditions, the possibility of resorting to family searching and lineage markers, the extension of retention periods, the systematic use of Y-STR profiles for certain categories of offences, and increased openness to international exchanges. It also highlights the many grey areas left unresolved by the law, as well as the risks of abuse and drift associated with insufficiently regulated implementation.

The legal opinion, drafted prior to the adoption of the law, had already drawn attention to several of these issues. It expressed a series of concerns relating to the protection of fundamental rights, in particular with regard to private and family life, non-discrimination and legal certainty. It also warned against the effects of a legislative process conducted with a degree of haste deemed incompatible with a thorough assessment of the technical, legal and ethical stakes of such a far-reaching reform.

These two documents constitute the only contributions of WP 4.2 that fully integrate the changes introduced by the new law, and they serve as the basis for the analysis of the Belgian law currently in force in this field.

4.3.2.2. Thematic notes on emerging practices (pre - 2024)

In parallel with this analysis of positive law, several more targeted notes were drafted in order to document certain practices under development or raising specific technical, legal and ethical questions. These notes were prepared prior to the entry into force of the Law of 7 March 2024. While they do not take the new legal framework into account, they remain partly relevant for its analysis and critique. Moreover, they retain major interest for measuring the gaps between existing practices and the norms in force at the time, and for understanding how the reform attempted (or failed) to address them.

One of the notes focuses on the distinction between coding and non-coding DNA (*document 4.2.1/4*), a principle long enshrined in Belgian law but increasingly questioned in light of scientific advances. It highlights the uncertainties surrounding this distinction, both from a technical and a legal standpoint, and already anticipates its abandonment in the then-forthcoming reform.

Another note is devoted to the use of DNA to establish family relationships (*document 4.2.1/6*), in a context where neither phenotyping nor family searching were yet legally regulated. It addresses in particular the inherent pitfalls of this technique, relating to the reliability of analyses, the risks to private life, and the potential discriminatory effects it may entail. It concludes by evoking the indispensable safeguards that should accompany its use, such as respect for the principle of subsidiarity, limitation of searches, and the definition of precise criteria.

A third contribution examines the reference bases used to compare DNA profiles, notably the so-called “allelic frequency table” (*document 4.2.1/7*). It questions the representativeness of reference populations, the statistical limits of the tool, and the legal consequences in terms of evidence.

Finally, a last note addresses the issue of cross-matching DNA profiles obtained within the criminal-justice system with private “commercial” or “recreational” genetic databases (*document 4.2.1/5*). It highlights the risks of circumventing the legal framework through informal partnerships or international transfers, and raises the question of the scope of competence of the NICC/INCC in this area.

4.3.2.3. Interviews

These analyses were enriched by the conduct of six semi-structured interviews with field actors from complementary backgrounds (scientists, magistrates, police officers). An observation report (*document 4.2.2/1 - extract reproduced in annex; full document not disclosed for privacy reasons*) synthesises the main findings of these interviews, notably the gaps between the law in force and practices, the needs expressed by practitioners, and the uncertainties raised by certain emerging techniques.

The interviews were preceded by the drafting of a structured methodological guide, designed to ensure the coherence of the exchanges, and followed by full transcription, facilitating their use in legal analysis.

4.3.2.4. Conclusion

These three strands taken together were the subject of a transversal synthesis report (document 4.2.1/8). They provide a fine-grained and up-to-date understanding of Belgian law on forensic DNA, while preparing the ground for the subsequent tasks of the project, in particular comparative analysis (Task 4.3) and the development of prospective scenarios (Task 4.4). In this sense, the results of Task 4.2 constitute a central hinge of WP4, ensuring coherence between the study of international law (4.1), national practices and future avenues of evolution.

4.3.3. Results of Task 4.3 - Comparative - law analysis

Within the framework of Task 4.3, a comparative-law analysis was conducted in order to enrich the reflection on possible evolutions of the Belgian normative framework governing the use of DNA in criminal matters — and, more broadly, that of other Member States of the Council of Europe and the European Union. This task aimed to identify foreign models capable of informing, through their legislative choices or case law, the reflection on the establishment and assessment of regulatory scenarios developed in the continuation of WP4. It is based on a reasoned selection of three legal systems: France, Switzerland and the Netherlands, explained in a note specifically devoted to this selection (*document 4.3.1/1*).

The choice of these countries relied on several criteria. On the one hand, these systems have, more or less recently, addressed — partially or comprehensively — themes that are now central to the Belgian debate: phenotyping, family searching, registration of Y-STR and mtDNA profiles, mass sampling, or access to private genetic databases. On the other hand, linguistic and doctrinal accessibility made in-depth analysis possible. By comparison, other States selected after an initial “strategic” comparative-law screening (Germany, the United Kingdom, the United States, Canada, Australia) (*document 4.3.2/2*) were set aside at this stage for various reasons: absence of a “consistent” legislative framework, legal and institutional complexity, or difficulty of access to sources.

A specific comparative-law note devoted to the legal systems studied (*document 4.3.2/1*) identifies several useful findings. For instance, in the field of phenotyping, approaches diverge significantly. France paved the way through a major judicial decision in 2014, exceptionally authorising the disclosure of certain apparent morphological characteristics (eye colour, hair colour, etc.) for identification purposes, despite the principle prohibition on analysing coding DNA segments. Switzerland, for its part, revised its legislation in 2023 to regulate this practice in detail, by establishing a list of authorised characteristics (morphology: eye, hair and skin colour; biogeographical origin; age), while prohibiting those linked to health or personality. The Netherlands, a pioneer in this field, has authorised phenotyping since 2003, including for determining biogeographical origin, and has progressively strengthened its regulatory framework.

With regard to family searching, Switzerland and the Netherlands have an explicit and relatively recent legal basis. The Netherlands distinguishes between active and passive searching, subjecting the former to strict conditions depending on the seriousness of the offence. Switzerland provides for regulatory authorisation to refine the permitted parameters. In France, such searches are authorised by law, but their scope is limited to the direct line (parents/children), excluding cousins or siblings, and the relevant legal provisions give rise to divergent interpretations, generating legal uncertainty.

As regards mass sampling, France practises it without a specific legal basis, allowing individuals to refuse participation without exposure to sanctions. The Netherlands authorises mass sampling following authorisation by the investigating judge, including without consent where serious indications of guilt exist. Germany, which is of particular interest in this respect, also allows recourse to this technique, but exclusively on a voluntary basis and in connection with targeted family searches.

Finally, the three systems differ with respect to the management of DNA databases. For example, the Netherlands allows relatively broad registration, including without consent. Switzerland now permits the registration of Y-STR profiles. France, by contrast, prohibits recourse to private genetic databases, unlike certain American States. This divergence raises ethical debates, notably concerning forensic genetic genealogy.

Overall, this analysis highlights contrasting choices in the way “policing” efficiency and respect for fundamental rights are reconciled. France illustrates the tensions between a certain legislative void and the jurisprudential “validation” of the use of certain techniques; Switzerland constitutes a model of progressive and balanced regulation; and the Netherlands demonstrates broad openness to innovation while framing practices in this field. These systems thus provide useful reference points for guiding the establishment and assessment of prospective regulatory scenarios within the framework of Task 4.4.

4.3.4. Results of task 4.4 - Realization of conjecturable scenarios

Task 4.4 constitutes the concluding phase of WP4.

Unlike the preceding tasks, which primarily produced descriptive or explanatory analyses, Task 4.4 is embedded in a logic of structuring, coherence-building and projection. It does not aim to propose a specific reform or to formulate normative recommendations, but rather to organise, in a systematic manner, the field of conceivable regulatory options and to make their legal, operational and societal implications visible.

Beyond the production of deliverables, the results of Task 4.4 must be understood as the constitution of structured spaces of reflexivity centred not on DNA technology as such, but on the regulation of its use in criminal matters. The instruments developed do not merely support an understanding of technical practices; they organise a framework within which regulatory choices, underlying objectives and the effects of regulatory arrangements governing DNA technologies can be critically examined, discussed and re-evaluated.

The work carried out within this framework resulted in two main deliverables:

1. an analytical document entitled Scenario Synthesis (*document 4.4.2/1*);
2. a visual support co-constructed with Ms Judith Du Faux, intended to accompany and facilitate the appropriation of this synthesis (*document 4.4.2/2*).

The present section focuses on the first of these results.

4.3.4.1. The Scenario Synthesis (document 4.4.2/1)

The main result of Task 4.4 is the production of an analytical synthesis document aimed at mapping, in a structured manner, the possible scenarios for regulating the use of DNA technology in criminal matters. This document constitutes the conceptual and methodological culmination of WP4.

The *Scenario Synthesis* does not take the form of a closed catalogue of predefined scenarios. It is conceived as an analytical tool to support reflection, designed to organise, compare and assess different normative configurations on the basis of explicitly identified parameters.

In this respect, the notion of optimisation underpinning the synthesis departs from a purely managerial understanding based on quantifiable objectives and measurable performance. The analysis highlights the structural difficulty—if not the impossibility—of fully quantifying expectations, needs and resources in this field, thereby reconceptualising optimisation as a fundamentally normative and justificatory operation. **Within this framework, fundamental rights are not treated solely as external constraints, but function as normative benchmarks guiding regulatory reasoning and contributing directly to the social legitimacy of regulatory arrangements, allowing considerations of legality, effectiveness and acceptability to be articulated within a single analytical space.**

The document is structured into five analytical sets, corresponding to distinct levels of analysis used to construct and assess the scenarios.

4.3.4.1.1. DNA exploitation techniques

The synthesis opens with an analysis of the DNA exploitation techniques selected as analytical entry points: phenotyping, family searching and mass sampling. These techniques are mobilised not as objects to be legitimised or disqualified, but as analytical catalysts, enabling the emergence of the most sensitive legal, ethical and operational issues.

This section highlights the fundamental differences between these techniques, in terms of the purposes pursued, the types of data produced (identifying, relational, lineage-based or indicative), the degree of reliability, the probabilistic or binary nature of the results, and the level of intrusiveness. It shows that any normative reflection is necessarily conditioned by these scientific and technical characteristics, which constitute intrinsic limits to regulation.

4.3.4.1.2. Legal invariants

The second part identifies the legal invariants that delimit the space of legally conceivable scenarios. It distinguishes, on the one hand, instruments relating to the inter-State exchange of criminal data, in particular the “Prüm” framework, whose impact on internal legislative choices appears relatively limited; and, on the other hand, instruments enshrining the protection of human rights and fundamental freedoms, stemming from the Council of Europe and the European Union.

The synthesis shows that these invariants do not impose a single regulatory model, but rather constitute structuring benchmarks that make it possible to identify the legal risks and vulnerabilities associated with each scenario. Particular attention is paid to the rights placed under strain by the use

of DNA techniques, notably the right to physical integrity, the right to respect for private and family life, and the principle of equality and non-discrimination.

The third part offers a transversal analysis of the risks and costs associated with the different normative configurations. This analysis goes beyond a strictly legal approach and integrates societal, organisational and operational dimensions.

The risks identified include, in particular, potential infringements of fundamental rights, effects of stigmatisation or indirect discrimination, risks linked to the standardisation of weakly discriminating practices, as well as tensions likely to affect the legitimacy of the criminal justice system. Costs are understood in a broad sense, encompassing not only direct budgetary costs, but also human, temporal, organisational and symbolic costs linked to the implementation and contestation of the regulatory frameworks. This understanding of costs underscores that the effectiveness of regulatory arrangements is inseparable from the resources available for their implementation, and highlights the practical limits of multiplying control mechanisms. In this respect, the analysis raises the question of whether certain general oversight structures should be endowed with a broader and more transversal mandate.

4.3.4.1.3. Regulatory options

On this basis, the synthesis identifies and structures the main regulatory options available to the legislator. These relate in particular to the material and scientific scope of application, triggering criteria, definitional choices, as well as operational and procedural modalities.

These options are presented in a deliberately neutral and non-hierarchical manner. The synthesis emphasises their interactions and cumulative effects, showing that the overall coherence of the regulatory framework depends on how these choices are combined, rather than on isolated decisions.

4.3.4.1.4. Vector axes of evaluation

Finally, the synthesis proposes a series of vector axes of analysis, conceived as tools for transversal evaluation. These axes, presented in the form of analytical continuums (for example, standardisation/individualisation, legal certainty/normative flexibility, innovation/scientific robustness), make it possible to position scenarios without reducing them to binary oppositions.

They provide an analytical framework for anticipating the differentiated consequences of regulatory choices across multiple dimensions, while leaving the responsibility for final arbitration to the legislator.

4.3.4.1.5. Contributions of the Scenario Synthesis to WP4

The *Scenario Synthesis* constitutes a central result of WP4 in that it ensures the coherence of the legal, comparative and empirical analyses carried out in the preceding tasks. It makes it possible to move beyond a fragmented approach to issues relating to DNA in criminal matters and to propose an integrated analytical framework, rendering visible both the legislator's margins for manoeuvre and the tensions inherent in the different regulatory choices.

As such, it provides a structured mapping of the field of normative possibilities, an explicit clarification of the legal and technical constraints weighing on these choices and a tool for anticipating the systemic

effects associated with different regulatory configurations.

Across all scenarios examined, the synthesis also highlights a structural shift in the object of regulation itself: the use of DNA technologies in criminal matters no longer concerns solely identified or suspected individuals, but increasingly extends to family members, groups or populations defined through biological, statistical or contextual criteria. This shift raises specific normative questions regarding individualisation, collective exposure to investigative measures, and the distribution of legal safeguards.

4.3.4.1.6. Difficulties and limitations

The elaboration of the *Scenario Synthesis* highlighted several difficulties inherent in the scenario-building exercise. These mainly relate to the interdisciplinary and technical complexity of the subject matter, the didactic vocation of the tool, and the difficulty of maintaining a neutral analytical position within a highly politicised normative field.

Moreover, the prospective assessment of scenarios necessarily remains partial and uncertain, due to the lack of empirical data on certain long-term effects and the dependence on exogenous variables such as field practices or available resources. Finally, the persistence of certain structuring legal or scientific narratives may influence regulatory debates and limit the anticipatory scope of the exercise.

These limitations do not, however, undermine the relevance of the approach, which precisely aims to make explicit the constraints, uncertainties and tensions that permeate the regulation of the use of DNA technologies in criminal matters.

4.3.4.2. The Visual Support (document 4.4.2/2)

In addition to the *Scenario Synthesis*, Task 4.4 led to the production of a visual support conceived as a deliverable in its own right, aimed at facilitating the appropriation of regulatory scenarios governing the use of DNA exploitation technologies in criminal matters by public decision-makers and practitioners. In this respect, the visual support complements the Scenario Synthesis by offering a more intuitive entry point into the results of Task 4.4, and fully contributes to the objective of WP4 to structure an informed reflection on the regulation of the use of DNA technologies in criminal matters.

This visual support is neither a simple illustration of the analytical document nor a graphical summary thereof. It pursues a distinct and complementary objective: to make immediately legible the tensions, trade-offs, and cascading effects associated with regulatory choices, in a field marked by a high degree of technical and normative complexity.

Whereas the *Scenario Synthesis* offers an in-depth analytical structuring, the visual support adopts a pedagogical and progressive logic, allowing for:

- a rapid understanding of the core issues ;
- a discussion of regulatory options without presupposing any normative solution;
- a concrete projection of the possible consequences of legislative choices.

It thus constitutes an appropriation tool, designed for an audience that does not necessarily possess in-depth expertise in DNA law or forensic sciences, but is nevertheless called upon to intervene in decision-making or implementation processes.

4.3.4.2.1. A recurrent structure by technique

The support is organised around the three techniques selected within WP4 : phenotyping, family searching, and mass sampling, each presented according to a recurrent framework, facilitating comparison and perspective.

For each technique, the reasoning unfolds through a progressive sequence:

1. Definition and scope of the technique, identifying what it effectively allows and what it does not;
2. Deconstruction of certain common assumptions, particularly regarding reliability, evidentiary value, or the determinative nature of the results;
3. Identification of the legal, ethical, and societal risks and issues associated with its use;
4. Presentation of several possible regulatory scenarios, formulated in a non-hierarchical manner;
5. Contextualisation of the Belgian framework, in particular the 2024 reform, treated as one case among others.

This structure makes it possible to show that the techniques are not interchangeable, that they do not pursue the same objectives, and that they call for differentiated regulatory responses.

4.3.4.2.2. Highlighting legislative choices and their consequences

One of the major contributions of the visual support lies in the emphasis placed on highlighting the tensions inherent in legislative choices. Rather than exhaustively describing techniques or existing rules, the document shows how each regulatory option produces cascading effects, at the legal, operational, and societal levels.

The scenarios presented thus illustrate the trade-offs between investigative efficiency and the protection of fundamental rights, the cumulative effects of decisions taken at different levels (material, regulatory, operational), as well as the risks of banalisation, stigmatisation, or loss of legitimacy of the criminal justice system.

This approach helps to move beyond a fragmented vision of regulation, by underscoring the need for overall coherence.

4.3.4.2.3. Belgium's positioning as a comparative reference point

The Belgian legal framework, as resulting from the 2024 reform, is incorporated into the visual support without being presented as an endpoint. It is treated as one possible configuration among others, situated within a broader space of scenarios.

This choice makes it possible, inter alia, to relativise the seemingly self-evident nature of the options adopted by the Belgian legislator, to highlight the implicit choices made by the reform, and to open reflection on normative alternatives, without adopting a critical or prescriptive stance.

4.3.4.2.4. A tool for discussion and mediation

By virtue of its form and structure, the visual support constitutes a discussion tool, designed to foster exchanges between actors with diverse profiles (legal scholars, scientists, decision-makers, practitioners). It facilitates the identification of points of disagreement, areas of uncertainty, and priority issues, while maintaining a high level of conceptual rigour.

In this respect, it complements the *Scenario Synthesis* by offering a more intuitive entry point into the results of Task 4.4, and fully contributes to the objective of WP4 to structure an informed reflection on the regulation of the use of DNA technologies in criminal matters.

4.4. WP5: Identification / reconfiguration of the relations between field actors and their practices as a vector of efficiency in the use of DNA Databases

4.4.1. Normative analysis and formal mapping of the Belgian's actors tasks and relationship : Key findings

The following ten categories of actors were identified, with a summary of their formal missions and the questions raised by the analysis of the aforementioned texts.

4.4.1.1. (1) First responders

First responders, usually from the local police, are the first to arrive at the scene of a crime. Their role is to isolate and secure the scene of the crime, as well as any other location where objects related to the crime may be found. In this regard, the Royal Decree of 17 July 2013 implementing the Law of 22 March 1999 introduces clear procedures and requirements to ensure the integrity of the scene of the crime and that of the evidence, traces and clues, with the aim of increasing the reliability of the evidence. These requirements include the establishment of a judicial exclusion zone. The purpose of this operation is to preserve evidence, traces and clues, to avoid contamination, and to enable the judicial police officer responsible for technical and scientific policing (or his or her colleagues) to carry out their duties.

In accordance with Article 5, § 1, 7° of the 2013 Royal Decree on DNA (A.R. 2013 ADN), a judicial police officer responsible for seizures must be appointed to draw up an inventory. Their role is specified in the report to the King and the DNA circular. He is thus responsible for checking the seized items and plays an essential role in guaranteeing the chain of custody, in order to ensure the traceability of the evidence. Each item, whether a trace or an object, is assigned a unique national seizure number (SIN number) and is recorded in the PACOS database, in accordance with circular COL 21/2013. The Guidelines for Police Services DNA/D.01/VerF.3, published on 16/07/2013 by the INCC, also set out a series of recommendations concerning the management of evidence. These include packaging each piece of evidence separately in an appropriate manner, labelling the evidence immediately and clearly, and changing gloves between each piece of evidence. Finally, the circular provides that the judicial police officer in charge of the raid coordinates all operations carried out at the scene and liaises with the other parties involved, in particular the CSI and the case magistrate.

However, the prescriptive scope of the Royal Decree and the division of roles it establishes is nuanced by the circular. The circular states that "The objectives described in the Royal Decree ADN 2013 (which

can in themselves be fully endorsed) are, of course, at odds with the reality of the limited resources available in the field, which has led stakeholders to implement certain local practices and creative solutions" (COL 21/2013, p.66). The circular indicates that, as part of the fight against burglaries in homes, a number of districts have organised in-depth training for the local police so that they can also participate in the collection of evidence. This means that in some cases, local police officers may be directly responsible for collecting and preserving evidence. In such cases, the COL states that police officers must "MANDATORILY" (*sic*, p. 73) use the decision tree reproduced in the circular. This diagram codifies, in the form of a cross-tabulation table, the chances of providing usable DNA evidence (i.e., good-quality DNA belonging to the potential perpetrator of the offence) for each type of secured evidence (see below for a reproduction of the table).

This summary of formal tasks reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during interviews.

- How is the perimeter of the judicial exclusion zone determined?*
- How are the procedures for seizing and storing evidence determined and implemented?*
- Who calls the CSI? According to what criteria? How often do they intervene?*
- What training is provided to local police on how to fill in the decision diagram?*
- What criteria are used by first responders to select evidence?*
- According to which guidelines the first responders guarantee the integrity of the DNA collected?*
- What communication exists between first responders and other actors in the forensic process throughout the procedure?*

4.4.1.2. (2) Crime scene investigation services (CSI)

The crime scene investigation services (CSI), or "front office", intervene at the scene when called by the first responders. The judicial police officer in charge of technical and scientific police work directs the personnel present and ensures that all material evidence is searched for, located, revealed, collected, photographed and/or videotaped, numbered, packaged, sealed for security, and preserved for analysis and subsequent use. Where appropriate, he or she may also make recommendations on the treatment of victims and suspects with a view to collecting traces and evidence from their persons and objects. The CSI officer draws up a report detailing the circumstances in which the evidence and exhibits were discovered. The CSI officer is also responsible for seizures when he or she is involved, in collaboration with the judicial police officer in charge of seizures, who is responsible for checking and tracking the items collected. The precise list of his or her duties is set out in Article 5(1) of the 2013 Royal Decree on DNA and reproduced in COL 21/2013 (p. 67). The report drawn up by the CSI is sent to the investigating magistrate, and the officers ensure the technical and scientific follow-up of the case.

In accordance with the circular, CSI officers are also required to complete the decision diagram, a template of which is reproduced below and appended to the circular.

	1.	2.	3.
	DNA probably from the perpetrator/victim *	Origin of DNA unknown	DNA probably not from the perpetrator/victim *
A. Tissue or bodily fluid (e.g. blood, semen, saliva, etc.)	High probability of usable DNA profile + High probability that it is the profile of the perpetrator/victim *	High probability of usable DNA profile + Likely to be an unknown profile or a mixed profile	High probability of usable DNA profile + High probability that it is not the profile of the perpetrator/victim *
B. Good media (see list)	Chances of usable DNA profile + High probability that this is the profile of the perpetrator/victim *	Chances of usable DNA profile + Chances that it is an unknown profile or a mixed profile	Chances of usable DNA profile + High probability that it is not the profile of the perpetrator/victim *
C. Poorer samples (e.g. following brief contact, DNA degraded by climatic conditions, water, etc.)	Low probability of usable DNA profile + High probability that it is the profile of the perpetrator/victim *	Low chance of usable DNA profile + Likely to be an unknown profile or a mixed profile	Low probability of usable DNA profile + High probability that it is not the perpetrator's profile

X	Codification impossible due to lack of necessary information concerning the preservation of traces and their origin

Table 8: Model 14, Trace Selection Diagram (COL 21/2013, pp. 72-73).

This summary of formal missions reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during interviews.

- How do CSIs decide whether or not to intervene at crime scenes?
- Do they communicate with first responders even when they do not intervene at the scene?
- What training is offered to CSIs on how to complete the diagram?
- How is the decision diagram used in practice?
- How are relevant traces selected?
- What are the channels of communication with other actors in the police and judicial chain?
- What feedback is provided on the selection of samples sent for analysis by the magistrate?
- Are CSIs directly involved in this sample selection process?

4.4.1.3. (3) Forensic police laboratories (FPL)

Forensic police laboratories (FPL), often referred to as "back offices," conduct an initial examination of all evidence in order to select those items that are of interest for DNA analysis. This step helps to guide and target the expert's work. The FPL also carries out preliminary tests to determine the nature of the traces collected. The conclusions of these tests are forwarded to DNA experts through the CSI/case magistrate, which avoids duplication of certain analyses. Their formal missions are set out in Article 5 § 2 *in fine* of the 2013 Royal Decree on DNA, as well as in the Report to the King on the Royal Decree (pp. 52395-52396).

This summary of formal missions reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during the interviews.

- What are the areas of communication between FPL technicians and CSI officers?
- What information do technicians have access to in order to carry out orientation tests?
- What are the areas of communication between FPL technicians and other actors in the police, forensic and judicial process?
- What feedback do FPL technicians provide on the follow-up to the procedure?

4.4.1.4. (4) The tactical police service

The tactical police, composed of members of the local or federal police who perform investigative functions, intervene on the orders of the case magistrate and carry out, under his or her supervision, the investigative actions necessary to conduct the case.

The 2013 Royal Decree on DNA also provides for specific tasks relating to the collection of reference samples from suspects and non-suspects. Article 7 of the 2013 Royal Decree on DNA requires the police to carry out a thorough check of the identity of the suspect from whom a reference sample is taken. Furthermore, the DNA circular requires police officers to give prior notification of the legal obligations and, where applicable, to obtain the written consent of the persons from whom samples are taken. To this end, the police use standard form 11, sub-form 'suspect', attached to Addendum I to the circular.

At the request of the magistrate, the judicial police officer may also take a reference sample from the person concerned. However, the police may only take a buccal swab or a hair bulb sample. For blood samples, they must request the assistance of a doctor (Article 44quinquies, § 2 of the Code of Criminal Procedure). The judicial police officer then draws up a report on the reference sample collection, on which they indicate a set of mandatory information, including the DNA code number, the aliases of the person from whom the sample was taken and the conditions of collection (Article 44quinquies, § 2, paragraph 3 of the Code of Criminal Procedure, COL 21/2013, p. 101). The circular specifies that, contrary to the provisions of the 2013 Royal Decree, "the sampling report may only be sent to the magistrate and therefore **NOT** (*sic*) to the expert at the DNA analysis laboratory responsible for analysing the reference sample, in order to guarantee the anonymity of the person concerned". (p. 102).

Police officers also have responsibilities regarding the transmission of DNA analysis to the laboratory and the notification of the results of DNA analysis or counter-expertise, as detailed in the circular.

This summary of formal tasks reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during the interviews.

-What tasks, other than those explicitly provided for in the Royal Decree and the circular, are police officers likely to carry out in relation to forensic DNA?

-To what extent do they participate in decisions concerning the analysis of samples? (sample selection, analysis strategy, etc.)

-With whom other than the magistrate do police officers communicate? (forensic advisor, expert, etc.)

-In what ways are police officers required to use the results of DNA testing?

-What difficulties may arise when collecting reference samples?

-How do the requirements for anonymising DNA data impact their investigative practices?

-What are their expectations/concerns about the new legalised techniques and their usefulness for investigations?

4.4.1.5. (5) The case magistrates

The case magistrate, who may be a member of the public prosecutor's office (prosecutor or federal prosecutor) or an investigating judge depending on the nature of the proceedings ("information" or "instruction"), plays a central role in the forensic process. When analysing evidence, they determine which pieces of evidence will be submitted for DNA analysis, as well as the type of analysis to be carried out by the laboratories. In this regard, circular COL 21/2013 states that "Magistrates must select evidence judiciously, which should not only lead to more effective analyses, but also to a more balanced cost structure." (p. 74). In addition, the circular recalls three additional "tools" available to magistrates to help them make their choice: the decision diagram, the possibility of contacting the police services in charge of the case and the LPTS experts, and finally, the possibility of calling on the forensic advisor. However, the circular specifies that "Consultation with the forensic advisor will mainly be required in complex cases, cases in which several analyses must be carried out on a single piece of evidence, or when reopening an unsolved case." (COL 21/2013, p.74).

The case magistrate also authorises DNA analysis and comparisons, either at the DNA expert or directly at the national DNA database, in the context of family research. His or her decisions must be justified in accordance with the conditions laid down by law, which vary according to the type of analysis or comparison requested. With regard to analyses, in accordance with the provisions of the Code of Criminal Procedure, magistrates may issue three types of "general" requests: the default request for conventional DNA analysis for the purpose of analysing autosomal trace DNA, justified by a "basic reason"; a request for DNA analysis relating to the Y-STR DNA profile or the mtDNA profile, for which the magistrate must specify the circumstances of the case that justify these additional analyses; Systematic analysis of the Y-STR DNA profile in cases of sexual offences, for which magistrates have no discretion. Circular 21/2013 provides a set of mandatory request forms for magistrates in the public prosecutor's office, which include specific sections for these reasons,

although these are sometimes already pre-filled on the forms. Addendum 2A to the circular simply requires the box relating to autosomal analysis of trace profiles to be ticked, under which the following statement is already pre-filled: "The analysis of the traces listed below is necessary in order to proceed with the direct or indirect identification of potential suspects through DNA analysis and comparison."

Furthermore, the 2024 DNA Act legalised two analysis and comparison techniques for which stricter requirements for justification are imposed: family search (Article 44octies§1 of the Code of Criminal Procedure) and phenotyping (Article 44quater§5 of the Code of Criminal Procedure). For these techniques, the Code of Criminal Procedure imposes requirements of subsidiarity, proportionality (i.e., the seriousness of the offence), and, in the case of family searching, necessity. This requirement of necessity is expressed in the following formula: "In his written decision, the public prosecutor shall specify the particular and specific circumstances of the investigation that make it necessary to carry out a family search in order to identify the source of the trace discovered." (Article 44octies, § 1, paragraph 2). However, these reinforced requirements for justification are not reflected in the mandatory request forms annexed to the DNA circular. Once again, these templates contain pre-filled justifications that merely assert the subsidiary and proportionate nature of the techniques without leaving any room for demonstration. The add 6.Ba requisition template relating to family research also provides a space for the magistrate to "possibly" fill in with specific data from the case file. There is therefore a discrepancy between the legal requirements and the requisition template, since the reasons relating to the specificities of the investigation are presented as optional, whereas they are mandatory under the Code of Criminal Procedure.

In the context of a sample taken from a consenting suspect, magistrates have several tasks, in accordance with the instructions set out in Circular 21/2013. First, they must carry out a preliminary check with the national unit to determine whether a DNA code number has already been assigned. They then issue requests for samples to be taken for the police and for analysis by the laboratory. Finally, magistrates are responsible for the flow of information after receiving the report from the DNA analysis laboratory. Thus, as indicated in the circular, if the DNA analysis laboratory finds a positive link between a trace and a reference profile of a suspect (known to the DNA analysis laboratory only by a DNA code number), it is up to the magistrate to also transmit this link to the national trace database and reveal the identity of the suspect. (p. 98).

Samples may be taken from suspects without their consent, but only the investigating judge may order this, in accordance with the conditions set out in Article 90undecies, §§ 1 and 3 of the Code of Criminal Procedure (evidence of guilt, seriousness of the offence, prior hearing and notification, etc.).

The magistrate receives the laboratory reports and notifications from the database. He therefore centralises this information and is responsible for interpreting the DNA information, with the assistance of the forensic advisor if necessary. On this basis, he determines the strategy and decides whether to prosecute or refer the case to the competent court.

Finally, in accordance with Article 4, § 2, paragraph 1, of the DNA Act 1999-2011, DNA profiles and related data are deleted from the "Criminalistics" DNA database on the orders of the public prosecutor, once their storage is no longer useful for the purposes of criminal proceedings. In this regard, as recalled in COL 21/2013, in accordance with circular COL 3/2021, the decision on evidence must be taken at the time of drafting the final summons/request, "which therefore requires specific attention and follow-up". Indeed, according to the same circular, "it would be contrary to fundamental

rights to keep the DNA profile of a person who has been acquitted or whose case has been dismissed in the 'Criminalistics' database" (COL 21/2013, p. 110).

This summary of formal duties highlights several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during interviews.

- How does the magistrate select the samples to be analysed by the expert?*
- What role does DNA expertise play in the conduct of investigations?*
- How does the magistrate decide on the type of analysis to be carried out?*
- What criteria does the magistrate use to decide whether to call on the forensic advisor?*
- Does the magistrate communicate with other parties when choosing which samples to analyse?*
- What difficulties arise in interpreting the results of the analysis?*
- What difficulties arise in anonymising data and managing information flows?*
- How do magistrates in the public prosecutor's office use requisition templates? How do they adapt them, if necessary?*
- What are their concerns about the grounds prescribed by law?*
- What are their expectations/concerns about new legalised techniques and their usefulness for investigations?*
- At what point is a stored profile considered "useless" and how does the public prosecutor request the deletion of profiles from DNA databases?*

4.4.1.6. (6) The forensic advisor

The forensic advisor is a technical specialist from the National Institute of Criminalistics and Criminology (NICC) who assists case magistrates in determining the necessary legal expertise and helps them to inventory the available evidence. He or she participates in the choice of priority analyses, whether biological or of another nature, and evaluates, in consultation with the tactical police, the relevance of the different approaches. Their consultation is particularly required in complex cases, those involving several analyses of the same piece of evidence, or when reopening unsolved cases, as mentioned by COL 21/2013. According to this same circular, the forensic advisor "bridges the gap between the legal world, which advocates casuistry, and the world of expertise, which is based on the exact sciences" (COL 21/2013, p. 74).

This summary of formal missions reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during interviews.

- How does forensic advice materialise in practice?*
- What types of cases are forensic advisers involved in?*
- What influence do advisers have on the decisions taken by magistrates?*
- What difficulties do they encounter in carrying out their duties?*
- How does coordination with the tactical police work in practice?*
- What information do forensic advisers have access to?*
- With which other actors do forensic advisers liaise?*
- Do forensic advisers interact with lawyers?*

-What are their expectations/concerns about new legalised techniques and their usefulness for investigations ?

4.4.1.7. (7) The DNA expert

DNA analysis laboratories that are designated on the basis of a reasoned request from a magistrate must comply with the following obligations imposed by the DNA Act (Article 44quater of the Code of Criminal Procedure) and the 2013 DNA Royal Decree (Articles 14, 15, 16, 19, § 1, 21 and 22 of the said Royal Decree). Among his obligations, the DNA expert describes the pieces of evidence and traces collected and, when necessary, carries out preliminary tests to determine their nature and human origin. He also receives reference samples from the persons tested for the purpose of establishing genetic profiles. He can only establish, analyse and compare DNA profiles within the limits set by the request he has received from the case magistrate. His report, addressed to the investigating magistrate, includes a detailed description of the samples, the results of the tests and analyses, and the profile- comparisons carried out in the laboratory (i.e. between all the traces and profiles of the case itself).

Under Circular COL 21/2013, experts are no longer required to systematically provide detailed statistical results. Instead, a simple "match/no match" response will be provided, as recommended by Decision 2008/615/JHA of the Council of the European Union. The statistical evaluation of matches must therefore only be provided at the request of the requesting magistrate, if it is deemed necessary for the investigation to continue. Furthermore, if no results have been obtained for the traces discovered or if the DNA profile does not provide enough information to make a statistically valid comparison, the expert shall inform the public prosecutor or the investigating judge either of the possibilities for additional DNA analysis in order to be able to make a comparison, or of other alternative methods. (COL 21/2013 p. 80).

After submitting his report, unless the magistrate decides otherwise, the expert from the DNA analysis laboratory shall, by law and within fifteen days of submitting his report to the magistrate, communicate the DNA profiles of the traces obtained to the manager of the INCC's national DNA databases (Article 44quater, § 3, paragraph 1 of the Code of Criminal Procedure).

The 1999-2024 DNA Act finally introduced a fundamental change with regard to the storage and destruction of samples because, contrary to what happened previously, reference samples and samples derived from them no longer have to be destroyed after analysis but must, in the cases mentioned *below*, be stored subsequently by the INCC (DNA Collection service). DNA analysis laboratories are therefore required to send the samples to the INCC.

This summary of formal tasks reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during the interviews.

- How much leeway do experts have when it comes to choosing which samples to analyse and the type of analysis to be carried out?*
- Can DNA experts act on the magistrates' decisions regarding the analyses to be carried out?*
- What information do DNA experts have access to in order to carry out their tasks?*
- What types of additional analysis might DNA experts suggest?*
- How do DNA experts interpret the results of comparisons?*
- How do DNA experts present the results in their reports?*
- What difficulties do DNA experts encounter in their work?*
- Which other police, forensic or judicial actors do DNA experts interact with?*
- How do experts view the new techniques legalised by the 2024 DNA Act? In particular, DNA phenotyping, which is carried out in DNA analysis laboratories.*

4.4.1.8. (8) The indictment chamber (La chambre des mises en accusation)

The prerogatives of the indictment chamber are set out in Articles 136, 136bis, 235 and 235bis of the Code of Criminal Procedure, as well as in the Law of 20 July 1990 on preventive detention. The indictment chamber, composed of three judges within the Court of Appeal, intervenes mainly in cases where the decisions of the chamber of council are contested, particularly in matters of preventive detention. It thus rules on the maintenance or the lifting of preventive detention. It monitors the regularity of the investigation procedure, with a view to identifying any irregularities, omissions or grounds for nullity. It may take up these issues on its own initiative or at the request of the public prosecutor or the parties. This monitoring is carried out in particular when the *instruction* procedure is settled at the end of the investigation.

This summary of formal tasks reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during the interviews.

- How does the indictment chamber deal with issues relating to forensic DNA?*
- Is the indictment chamber required to review the legality of magistrates' requests for DNA analysis and comparison?*
- If so, what elements do judges verify?*
- What difficulties, if any, do judges encounter in reviewing the legality of DNA analyses?*
- How much weight is given to DNA evidence in decisions relating to pre-trial detention?*

4.4.1.9. (9) The lawyer

The solicitor plays an essential role in guaranteeing the rights of the defence. He or she represents, advises and defends his or her client throughout the investigation, attends certain hearings, submits requests for actions or access to the file to the investigating magistrate, and ensures the legality of the investigative actions. He or she may file requests to have an act deemed unlawful dismissed or

declared null and void. By building his or her client's defence strategy, whether the client is a suspect or a civil party, the solicitor exercises indirect but fundamental control over the regularity of the proceedings.

This summary of formal tasks highlights several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during the interviews.

- In what contexts are lawyers required to use DNA expertise?*
- What difficulties do they encounter when using DNA expertise?*
- What knowledge do lawyers have of the specific legislation governing forensic DNA?*
- How do lawyers understand and interpret DNA expertise?*

4.4.1.10. (10) National DNA databases

The purposes of national databases (DIS) are set out in Articles 44quater of the Code of Criminal Procedure and 5quater of the DNA Act 1999-201, and are detailed in Circular COL 21/2013, which devotes an entire chapter to their functions.

The DNA analysis laboratory must automatically communicate all DNA profiles from traces to the DIS service (unless otherwise requested by the magistrate), regardless of whether the trace has been identified and associated with one of the persons concerned by the case. This profile may be an autosomal DNA profile, but also a Y-STR DNA profile and/or a mtDNA profile. The first task of the manager of the national DNA databases or his or her delegate is therefore to record these DNA profiles in the "Criminalistics" DNA database. Traces from missing persons or unidentified mortal remains are recorded in the "Missing Persons" DNA database. The administrator of the national DNA databases must then systematically compare (by law) all DNA profiles submitted to them for registration with the DNA profiles stored in national, foreign and international DNA databases. If a positive match is found, the administrator of the national DNA database also records this match alongside the relevant DNA profile. Then, within a maximum of fifteen days of receiving the DNA profiles, the administrator of the national DNA databases or their representative must automatically notify the relevant magistrates of the results of the DNA profile comparison.

In the case of DNA profiles of suspects, the manager must compare the DNA profiles of the suspects' reference samples with those stored in the DNA databases once only. Only if this comparison shows a positive match with a trace profile shall he record the reference DNA profile of the suspect transmitted to him in the national DNA database, with a view to enabling a systematic comparison to be made at a later stage. If there is no positive match, the suspect's DNA profile shall not be recorded. When the comparison establishes a positive link, the administrator records the following data with the relevant DNA profile: the positive link and, where applicable, the DNA code number. The DNA profiles of suspects' reference samples may only be stored under their DNA code number. When a positive match with a DNA code number has been found, the magistrate must be notified via the national unit.

DNA profiles and related data are deleted from the "Criminalistics" DNA database on the orders of the public prosecutor's office as soon as their storage is no longer useful for the purposes of criminal proceedings (Article 5quater, § 4, paragraph 3, DNA Law 1999-2011).

Identified DNA profiles are in any case deleted from the DNA database on the orders of the public prosecutor as soon as a final judicial decision has been made in the case for which the DNA profile was obtained.

In this case, as stated in DNA Circular Col 21/2013 (p. 110), there are two possibilities. In the event of a conviction, the suspect's DNA profile is recorded in the "Convicted Persons" database when the offence or attempted offence is included in the list referred to in Article 5, § 1, of the DNA Law 1999-2011. In the event of a dismissal or acquittal with res judicata effect, the suspect's DNA profile is permanently deleted upon notification by the Public Prosecutor's Office.

If the DIS receives a request to delete a suspect's DNA profile from the DNA databases, it is responsible for communicating this internally to the DNA Collection Department of the INCC, which is responsible for storing the samples, so that they can also be destroyed. Otherwise, they are automatically deleted thirty years after their registration.

This summary of formal tasks reveals several areas of potential tension/uncertainty, which are translated into questions to be investigated during the interviews.

- What are the criteria and margins of manoeuvre of DNA databases with regard to the quality of the profiles compared?*
- How do databases express the level of statistical certainty of matches?*
- What follow-up communication with the magistrate exists after notification of the comparison to the national DNA unit?*
- How many profiles have been subject to deletion requests by prosecutors?*
- What difficulties do databases encounter in their practices?*

References

1. Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, M. B., 20 mai 1999.
2. Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, M. B., 30 novembre 2011.
3. Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », M. B., 30 janvier 2014,
4. Loi du 9 avril 2017 modifiant la loi du 21 décembre 2013 en ce qui concerne la création d'une banque de données ADN « Personnes disparues », M. B., 4 mai 2017.
5. loi du 7 mars 2024 modifiant le code d'instruction criminelle, la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et la loi du 5 août 1992 sur la fonction de police, M.B., 14 mars 2024.
6. Arrêté royal du 17 juillet 2013 portant exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et fixant la date d'entrée en vigueur de la loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, M. B., 12 août 2013. (C – 2013/09383).
7. Circulaire du Collège des Procureurs généraux, ADN, Procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, COL 21/2013, 19 décembre 2013, version révisée/actualisée du 19 juillet 2024.

4.4.2. Empirical analysis of practices and reconfiguration of power relations: Key findings

The results presented here are a summary of the analysis carried out as part of WP5. The full analysis will be published in a series of peer-reviewed journals as originals papers, and cannot therefore be reproduced here in its entirety.

However, the main points are outlined and grouped into three complementary areas, which respectively cover the circulation of information, the legal framework and the strategies deployed by the actors encountered. For each of these sub-areas, a representative case study is used to illustrate the issues presented.

4.4.2.1. The circulation of information, an internal constraint on the process of producing and using DNA expertise

DNA expertise appears to be both a useful and fragile tool: it sheds light on the investigation but is never sufficient on its own to establish guilt, requiring rigorous contextualisation to avoid interpretative abuses. Furthermore, the results of DNA analysis appear to be inseparable from the conditions under which they are produced. Understanding what DNA "says" therefore requires an interest in how it is produced, i.e. the network of operations, choices and situated knowledge that make its existence possible. Thus, DNA expertise is presented by the participants less as a simple technical result than as the derivative product of a systemic matrix of information. Far from being a passive medium, this matrix is a reflexive and co-constitutive device: it is shaped by the contributions of the actors who feed into it, while guiding their interpretations and subsequent decisions. It thus crystallises a circularity between the production and use of expert information.

This circularity raises two major issues: that of the production of the matrix, which poses a dual requirement of integrity and relevance of the data collected, and that of its accessibility to all actors involved in the forensic chain, which includes the imperative of data sharing and translation. Analysis of the conditions of production and accessibility of this information matrix reveals the numerous obstacles faced by stakeholders, as well as the doubly paradoxical nature of the DNA forensic process. First, it appears to be both rational and intuitive, methodical and variable, rigorous but not reproducible. Those involved describe their work as a process based as much on standardised protocols as on experience and subjective judgement: it is therefore unstable. Secondly, it reveals a dual effect of fragmentation and contingency of information, since it operates both according to an "industrial logic" of segmentation of activities and an interpretative process dependent on the information circulated by all the actors involved: it is therefore based on their interdependence. As a result, the forensic process requires a permanent reflexive attitude, which combines adaptation and control of information flows and appears resistant to any attempt at routinisation.

The instability of procedures is therefore both a constraint and a source of flexibility for the actors: on the one hand, this uncertainty creates coordination difficulties and increases the cognitive load on actors, while on the other hand, it opens up opportunities for innovation, the implementation of new practices, or the strengthening of the strategic role of experts in the criminal process, with experience, competence and mastery of information constituting potential levers of autonomy and power. Similarly, the interdependence of actors has an ambivalent effect: it requires constant communication

and adjustment, but also gives each actor strategic capacity linked to their position in the exchange network.

Case study 1: The split of the LPTS

Since 2019, the Belgian Technical and Scientific Police (DJT) has undergone a major structural reorganisation, marked by a split between the field services, the Crime Scene Investigators (CSI or *front office*), and the forensic police laboratories (Forensic Police Laboratories, FPL or *back office*). Whereas previously these two missions were grouped together within fourteen decentralised operational directorates, there are now fourteen CSIs for only five FPLs. This split is the result of European requirements relating to the operating principles of national accreditation bodies, such as BELAC. The purpose of accreditation is to formally certify that the accredited body, in this case a forensic laboratory, meets strict criteria of technical competence, impartiality, independence and quality management. Obtaining this accreditation therefore requires, in particular, the implementation of standardised procedures and costly technical equipment. Due to a lack of resources, the Belgian State has only been able to set up five accredited laboratories, the FPLs, leading to an increased division of tasks and a proliferation of actors involved in the forensic chain.

This new configuration has profoundly changed professional relationships. The FPLs, now considered technical service providers, are accountable to their CSI 'clients' through an internal evaluation system consisting of satisfaction forms and star ratings. This system, which is supposed to monitor quality, actually tends to formalise exchanges between actors, introducing a managerial and hierarchical logic into exchanges and transforming a relationship of functional continuity into a "client-supplier" type relationship. This method of evaluation weakens interprofessional relationships. On the FPL side, it creates a sense of injustice and frustration: technicians mention the difficulty of seeing their work reduced to a rating, without any contextualised explanation, even though they invest a great deal of analytical work. CSIs, for their part, express the opposite concern: that of not being able to make technical comments on the methods used by laboratories, or to discuss possible adjustments directly.

"Sometimes it's even painful, because you put so much work into a file, and you've done your best, and you're proud of your work, and then someone gives you two stars because they're not happy with this or that, and you think, "why?" So, yes, there are tensions."

FPL technician (NL)

"We had the same problem with the FPL. (...) At the beginning, we had a few cases that caused problems, and since we can't normally tell the FPL how to do their job (laughs), we can't tell them the right techniques, etc. So it was a bit... It was a problem for the people who used to process their own files in the field. The new ones who arrived after the split were fine, but we had a bit of trouble with the old ones, and so it's true that it was annoying because it was really important to have that information."

Inspector, CSI (FR)

These tensions reflect less a simple relational disagreement than a transformation of the organisational model of scientific evidence: the quest for objectivity and procedural compliance, required by European accreditation standards, paradoxically tends to disrupt operational continuity between the crime scene and the laboratory, at the risk of affecting the flow of information and, *ultimately*, the integrity of the evidence. Indeed, the increase in the number of actors involved in the handling of evidence automatically increases the risk of contamination or the production of unusable mixed profiles. Furthermore, the compartmentalisation of information between field services and laboratories limits the ability of FPL technicians to adjust their methodological choices according to the context of the investigation. Without access to certain elements upstream in the chain, they cannot always select the most appropriate technique to target a specific trace, which can lead to the use of analytical processes that may destroy potentially relevant samples.

This case study highlights the structural and organisational tensions generated by the reorganisation of the Belgian forensic science service. On the one hand, the forensic process requires decompartmentalisation and close coordination between field actors (CSI) and laboratories (FPL) in order to guarantee operational continuity and data integrity. On the other hand, bureaucratic and managerial logic, introduced by European accreditation standards and formalised through 'client-supplier' type evaluations, imposes strict organisational constraints, structures interactions around standardised procedures and hinders the free flow of information between actors. This tension reflects a redefinition of the power and autonomy of the actors: FPLs are assigned the role of technical service providers evaluated on formal criteria, which generates frustration and a sense of injustice, while CSIs have to contend with limited access to methodological choices, which restricts their ability to influence the production of evidence.

Ultimately, this case study shows that formal procedures, if not adapted or appropriated by the actors, can produce counterproductive results. It thus highlights the tensions generated by the extension of market logic within the process of producing forensic expertise, while at the same time qualifying the hypothesis of synergy between the development of expertise and the emergence of the managerial paradigm typical of neoliberal governance (Dumoulin, 2000, p. 223).

4.4.2.2. The legal framework: an external constraint on the process of producing and using DNA expertise.

Participants demonstrate an ambiguous legalistic attitude, where the law is considered an essential and insurmountable limitation, but is often deemed inadequate because it unnecessarily restricts the deployment of potentially effective forensic tools. At the same time, however, the 2024 DNA Act, which legalises new DNA techniques, is not welcomed with great enthusiasm by stakeholders, as these tools are complex, resource-intensive and seem appropriate only in exceptional cases that do not reflect the daily needs of stakeholders. Their expectations in terms of reform clearly illustrate this discrepancy: stakeholders generally want easier access to a greater number of profiles in order to establish positive links with a high degree of reliability. They therefore still largely adhere to a traditional approach based on identification rather than intelligence.

This disconnect between what science allows and what the law prescribes places stakeholders in a difficult situation: they are encouraged to innovate by using new tools, but within a framework that

restricts their room for manoeuvre, which undermines their commitment, delays the adoption of new systems and causes frustration among experts and confusion among legal practitioners in their daily work. This disconnect also illustrates the contingent nature of forensic DNA techniques: the technique is not an end in itself, but a potential resource that can be activated, or not, depending on the constraints and concrete objectives of the actors involved.

The case magistrate, for his part, appears to be a paradoxical actor, both powerful, because he has an overall view of the case, and deficient, because he does not have the technical skills to make appropriate decisions. He has hierarchical power, but appears to lack the strategic skills to anchor his authority. The shortcomings of magistrates are apparent in the legal field. They implicitly acknowledge their difficulty in keeping up to date with legislative developments in the field of forensic DNA, despite their formal role as guarantors of legality. Their knowledge is essentially instrumental and operational, focusing on mastery of procedures rather than questioning the underlying issues. This procedural orientation is reinforced by the explicit consideration of cost management: the logic of rationalisation acts as an additional filter on this form of administrative knowledge.

This lack of knowledge of the legislation governing DNA testing is shared by those responsible for overseeing the decisions of permanent magistrates, such as lawyers and members of the indictment division. If they do not have to resort to the standard, either because they see no strategic benefit in doing so or because they are not faced with a specific request, then the rule remains ignored or has no real regulatory effect.

Thus, the legal standard appears to be a *latent constraint* whose activation depends largely on a logic of efficiency (managing caseloads effectively for judges, optimising defence strategy for lawyers). The logic of rationalisation guides the practices of the actors and reinforces the idea that it is not so much the norm itself that is crucial, but its integration into a system of resource and results management. In other words, the effectiveness of the legal provision is entirely dependent on its strategic reappropriation by the actors.

The law, like the decisions of magistrates, is certainly inadequate, but it does offer room for negotiation. By navigating the grey areas of legislation, forensic actors do not simply come to terms with uncertainty: they use it as a lever for action on the legal framework itself. This room for manoeuvre is all the greater as the law is weakened by its judicial practice, where it is subject to administrative transposition and an imperative of efficiency that does not favour the exercise of thorough control over the substantive legality of expert evidence. The legal norm therefore does not act as an autonomous factor or an absolute limit; it takes on meaning and force depending on how actors integrate it into their strategies to achieve pragmatic objectives.

Case study 2: Procedures for deleting profiles from national 'suspects' database.

Article 4 and Article 4 bis §2, paragraph 1 of the DNA Act of 1999-2011 provide that DNA profiles and associated data stored in the "Suspects" or "Missing Persons" database, must be deleted "on the order of the public prosecutor when their retention [...] is not or is no longer useful for the purposes of criminal proceedings or the search for the missing person". The 2024 DNA circular (p. 83) reiterates this obligation, retaining the reference to the "public prosecutor" rather than the "presiding magistrate", without explaining why this prerogative is exclusively reserved for the public prosecutor's office. The expression "once" thus implies an injunction: as soon as the profiled person loses their status as a suspect, the retention of their profile is, in principle, no longer "useful" to the proceedings and its deletion must therefore be enforced.

However, over the last fifteen years, the DNA database manager has received only about ten requests for deletion. In other words, many profiles that were initially taken from suspects but have since been dismissed, acquitted, or simply ceased to be considered suspects during the investigation remain in the "Suspect" database and continue to be compared even though they no longer meet the criteria for inclusion. This situation thus gives rise to a de facto illegal "non-suspect" database. Although there is an audit procedure for the DNA database, under which the data protection officer must verify that profiles reported as unnecessary to the database manager have actually been deleted, this control remains inadequate as it is based solely on reports submitted by the magistrates in charge.

In this regard, the four magistrates interviewed all stated that they never took any specific action to inform the database in the event of a decision to dismiss a case or when a suspect ceased to be considered as such, and even seemed unaware of the existence of a legal provision requiring them to request the deletion of the profile taken. Their response also highlights their partial understanding of the mechanisms relating to the recording of profiles in the database.

"What happens if the person ceases to be a suspect? Is it you who will communicate this to the database? Er... No (...) We will never take any action. At some point, we would really have to consider that there has been a mistake, that the person has been wrongly convicted, and then perhaps we could say at some point, 'remove the convicted person from the database'. But if the match exists, in my opinion it should remain in the criminal database."

Substitute Prosecutor (FR)

"If there is a match and the suspect has been registered and, ultimately, in this very specific case, they are no longer a suspect for various reasons, do you contact the databases? Personally, I do nothing."

Investigating Judge (NL)

"And in the event of a decision to dismiss the case, do you know if the database is notified to remove the suspect's profile? No, it remains on file. In any case, it remains on file, unless there is an error. There's the DNA. It's true that we obviously don't deal with the follow-up to the case, the withdrawal. But... The

gentleman wasn't necessarily entered as a suspect. I think he was entered as a trace. Anyway, I didn't look at that aspect when I checked my file recently, but..."

Magistrate, Indictment Division (FR)

When questioned on the same point, the three participating lawyers acknowledged that they were unaware of the existence of a legal provision relating to the deletion of profiles that had become "unnecessary". In order for them to carry out the necessary research to find out about and activate the provision, they said that a client would have to make a request to that effect. However, they considered this scenario unlikely for two reasons: firstly, initiating a procedure to delete profiles through a solicitor represents a financial cost that could prove dissuasive. Secondly, because the individuals profiled must be aware of the illegality of storing their genetic data, which, according to the participating solicitors, is unrealistic.

Indeed, their clients would tend to assume that the actions required or ordered by the presiding magistrates comply with the requirements of legality. On the other hand, they would generally be less protective of their genetic data, as the infringements of their right to privacy generated by the collection, processing and storage of their DNA profile would appear to be relatively minor compared to other coercive investigative measures. Moreover, both magistrates and lawyers note that very few suspects or convicted persons refuse to have their DNA sampled, although their "consent" to the measure is largely influenced by the possibility of having a (painful) sample taken by force.

One of the participating lawyers refers to a "culture of the suspect" to describe the phenomenon whereby, in the context of criminal investigations, suspects tend to routinely accept highly intrusive measures that they could, in theory, challenge. According to him, this acceptance is part of an instrumental logic in which the energy required to take action is considered "colossal", while the outcome is highly uncertain.

"In other words, there is a kind of 'culture of the suspect' that means we tolerate a whole host of highly intrusive measures in criminal proceedings, which in principle we should be able to challenge. But it takes a crazy amount of energy. We can't even hold the police accountable when they search the wrong person's home, break down the door and ruin the flat. Even then, there's no one to help people."

Lawyer (FR)

This "culture of the suspect" can be seen as a form of internalisation of the state's investigative power: those subject to justice accept it without question because the routine nature of the procedure and the apparent authority of the investigation dissuade them from protesting. It thus questions the symbolic dimension of expertise and coercion: if the invasions of privacy seem almost insignificant, it is perhaps because they are part of an already integrated surveillance system. The "culture of the suspect" referred to here is thus similar to the "culture of control" identified by criminologist David Garland (Garland, 2001) as a form of power typical of the neoliberal state, where surveillance technologies, risk management mechanisms and accountability approaches are integrated into criminal governance.

Individuals are thus involved, or agree to be involved, in mechanisms that aim to optimise social control and predict or reduce criminal risk. The situation described by the lawyer also illustrates the "games around the law" identified by Laurence Dumoulin (Dumoulin, 2000, p. 201): those subject to trial do not invoke the norms that could be beneficial to them because they do not perceive their usefulness, do not have the necessary resources, or do not believe in the possibility of gain, which reinforces the ability of judicial actors to operate with little challenge. Formal constraints thus give way to institutional dynamics. Legal norms lose their effectiveness in favour of a logic of rationalisation that is also typical of neoliberal governance.

This case study highlights three key dimensions. On the one hand, the law governing the deletion of DNA profiles remains vague: the notion of 'usefulness' to the investigation is poorly defined and the public prosecutor's exclusive prerogative to communicate with the database considerably restricts the actors capable of activating this control, thus reducing the possible margins for action. On the other hand, magistrates themselves appear to be unaware of or disengaged from the obligation imposed by the law: ignorant of the legal provision and paying little attention to the future of the profiles, they do not develop a comprehensive reflection on data retention and privacy protection. Furthermore, by accepting the recording of profiles of individuals who are no longer suspects in the criminal database, they are circumventing the inclusion criteria set out in the legislation and effectively institutionalising an illegal database of 'non-suspects'.

Finally, external oversight of the DNA law appears to be virtually non-existent: lawyers, who could act as a counterweight, depend on their clients' initiative, in a system where the application of the law is rationalised on the basis of perceived costs and benefits. In other words, the effectiveness of the legal provision is entirely dependent on its strategic reappropriation by the actors involved. Failing this, its non-activation can itself be interpreted as a strategy aimed at circumventing the limits set by the law, revealing the power games and room for manoeuvre implicit in the forensic process.

4.3.2.3. Actor strategies in the process of producing and using DNA expertise

A divide appears between cases that are considered "routine" and those that are considered "exceptional" by the participants. Everyday cases are those that are handled mechanically, reproducing the habits acquired in the processing of previous cases, according to a routine process. Exceptional cases are those for which participants are prepared to make the extra effort necessary to break out of the routine that shapes their professional daily lives. Those who decide to break with routine in order to handle a case in a special way are taking strategic action. They exert power over the situation by redefining priorities or criteria for attention and proposing new practices. Breaking with routine serves to correct the limitations of standardised procedures and enables the system to survive its own bureaucracy.

Participants with specific technical skills, whether self-taught or acquired through specific training or specialisation, are regularly called upon to pass on their knowledge to other actors through professional training courses. This strategic action raises the profile of the trainers who provide the training and reinforces their position as holders of specific knowledge, while allowing them to exercise a priori control over the circulation of information. However, this strategy is not very profitable for participants, as it only marginally changes the practical skills of those trained, and places a significant

workload on trainers, ultimately putting them in an uncomfortable position vis-à-vis other stakeholders.

Alongside ad hoc training, feedback acts as an indirect control strategy: it allows participants who share their knowledge to refocus their colleagues' attention and priorities, influence their practices, and strengthen their relational capital and visibility within the system. Unlike ad hoc training, this strategy is less time-consuming and more effective pedagogically, as it draws on concrete situations and engages the motivation of those involved through their experiences and the emotions associated with the cases. Contextualised feedback, meanwhile, transforms routine into strategic learning, strengthening both organisational effectiveness and the sense of purpose for those involved at the outset of the case. However, this strategy remains informal and highly dependent on interactions and the availability of those involved, as well as on the existence of spaces conducive to exchanges and networking, which tend to be reduced in a logic of efficiency and flow management.

Actors deploy another strategy of influence: detailed advices. This activity consists of ensuring a continuous and targeted flow of information directly related to a current case and intervening at the time of action. It is therefore a contextual process, in which an actor with specific expertise guides or suggests approaches to another actor who lacks certain technical knowledge, procedures or legal standards, thereby enabling immediate transformation of practices in the field. Every actor with specific technical expertise is a potential adviser. This diversity creates uncertainty for those seeking advice and poses a challenge for advisers seeking to position themselves as legitimate references without generating tension within the network. The ability to convince and suggest innovative ideas also depends on building close relationships and perceived availability, which requires advisors to make costly efforts in addition to mastering the dynamics of interactions between actors. Actors are also led to select the situations in which they agree to be called upon as advisers, or even to voluntarily limit their visibility in order to avoid overload. By combining technical expertise and mastery of uncertainty, advisers create an informal space of power that allows them to influence decisions and negotiate the adoption of new practices. This redistribution of power nevertheless takes place in an interactive game where instrumentalisation is sometimes mutual or a source of discomfort for the adviser, who has to deal with a series of new uncertainties linked to the responsibility that comes with their power of influence. The advisors' ability to influence ultimately depends on how they are called upon by magistrates and the nature of the expectations placed on them, which sometimes push them into a purely administrative role that does not allow them to shine.

Another way of influencing the decision-making process of stakeholders is through the development of decision-making tools designed to intervene upstream and guide users' choices. These tools offer a means of standardising practices, regulating uncertainty and structuring the flow of information, while minimising the costs and interactional burden associated with detailed advice. Two types of tools appear particularly relevant in this context: trace diagrams and requisition models. These tools are part of an explicit logic of cost rationalisation, variability reduction and uncertainty management, by imposing standardisation of the decision-making process. However, the use of these tools raises several questions, particularly concerning the reduction of actors' interpretative leeway, the strengthening of their interdependence in the forensic decision-making process, and the shifts in power that this may entail. Circular models, in particular, reflect a silent trend towards dejudicialisation, where decisions on procedural guarantees or the limits of state interference are now

discussed upstream, in closed expert arenas, where the defence has no voice or visibility. The requirements for justification imposed by the legislator are emptied of their substantive meaning: they are translated into a few pre-drafted formulas by members of the "DNA expertise" unit of the College of Prosecutors General, inserted into indictments often pre-filled by forensic advisers, and devoid of any strategic value for the defence since no action for nullity can be based on their absence or insufficiency.

Finally, participants describe a set of strategies that they consider more discreet and controversial, aimed at exploiting DNA expertise for strategic purposes in criminal trials. These strategies are perceived by participants primarily in the context of interactions between the prosecution and defence lawyers and are ultimately aimed at obtaining the desired judicial decision. They combine the selection of laboratories, the mobilisation or non-mobilisation of experts, and the biased presentation of results in court. However, they remain constrained, in the final analysis, by the reappropriation of the information disseminated by the decision-makers in the criminal trial. DNA expertise nevertheless appears to be a strategic tool, used judiciously by the most experienced actors.

Case study 3: The institutionalisation of pre-filling DNA expert requests by forensic advisers

Forensic counselling has been gradually institutionalised in Belgium since 2010, following an initial experiment involving a multidisciplinary expert in cases of unsolved murders in Brussels. This initial experiment demonstrated the benefits of having someone capable of coordinating the scientific and technical aspects of the investigation, which led to the hiring of several forensic advisers, both French-speaking and Dutch-speaking, and the gradual expansion of their remit. This wave of recruitment was carried out on the basis of a project aimed at optimising legal costs, as one of the forensic adviser's tasks is to streamline the analyses required by magistrates, thereby avoiding unnecessary legal costs. The service was then mobilised as part of the Code 37 pilot project, which began in 2021 and aims to support magistrates in cases of sexual violence and improve the use of sampling kits (SAS kits). The effectiveness of these interventions was assessed internally by one of the forensic advisers herself, who compared the conviction rate and the number of cases dismissed before and after their intervention in cases of sexual violence, particularly with the use of SAS sampling kits. Based on these results, the Belgian government decided to allocate a budget enabling the NICC to extend this forensic advisory service to all judicial districts wishing to use it.

The role of forensic advisor was therefore born out of practical needs expressed by judicial and police actors, who required support in coordination and scientific expertise to manage complex investigations. However, its expansion was legitimised both by its scientific role and by a managerial logic of optimising the costs of expertise and improving the efficiency of criminal proceedings. Since its institutionalisation, the forensic advisor has thus embodied the tension between scientific requirements, the imperative of efficiency and budgetary logic. This configuration shapes their daily practices and is reflected in their relations with magistrates, where power is renegotiated in a space constrained by managerial logic and where the measurement of efficiency takes precedence over the distinction between statuses and competences.

The evolution of the role of forensic advisers thus illustrates how a technical function is reshaped under the influence of organisational constraints and the expectations of judicial actors. Initially,

forensic advice took an essentially oral form: advisers presented their recommendations at meetings, leaving it to magistrates to reformulate them and translate them into requests addressed to experts. However, this model quickly showed its limitations: unfamiliar with the exercise, magistrates struggled to reformulate the advice in the required legal terms, forcing advisers to engage in numerous corrective exchanges and rewrite the requests several times. Faced with a phenomenon of successive adjustments perceived as inefficient, forensic advisers gradually took over the direct drafting of requests, with a view to optimising the forensic procedure and their own working time. By drafting the indictments, forensic advisers now assume part of the legal translation function, which consists of defining the scope of the expert's mission and ensuring the procedural compliance of the expert opinion. In other words, they are crossing a symbolic boundary: from technical intermediaries, they are becoming co-producers of the legal text that binds the magistrate. This symbolic shift is also accompanied by an implicit redefinition of power relations.

Although formally subordinate to the magistrates' requests, forensic advisers are in practice building their autonomy by taking advantage of the leeway afforded them by the technical complexity of DNA expertise. They are transforming bureaucratic constraints (the cumbersome process of validating requests) into a resource by taking control of the drafting of requests for expertise. This shift in the role of the adviser, from oral consultation to the production of pre-filled requests, also illustrates how managerial rationalisation and pressure for efficiency are changing the distribution of tasks within the justice system. Under the guise of optimising time and costs, a hybridisation of functions is taking place: the magistrate delegates part of his or her decision-making role, while the adviser assumes jurisdictional functions to justify the legality of DNA analysis requests.

"At the very beginning, we didn't do that. We mainly provided oral forensic advice, so we would meet, give our opinion at the meeting, possibly send a short report by email, and the magistrate would have to draft the indictments himself. Sometimes you would have to correct them three times, so we waste much less time doing it ourselves."

Forensic advisor (FR)

" My experience has shown me that magistrates find it very difficult to fill in these requests, or rather to fill them in correctly, and that causes problems for all of us. Because when they arrive, the right questions haven't been asked, you have to send them back, and then it takes a while to get a new answer or a new request, and that takes a lot of time, which is actually a bit unnecessary."

Forensic advisor (NL)

"When we started making the first proposals for indictments, I, for example, came across a few investigating judges. I explained it to them. I said, 'Right, now you have to justify the added value of this expertise in legal terms'. A few of them

wrote the texts for me. I saw a little bit of how they went about it. Now I have my text."

Forensic advisor (FR)

Magistrates adopt varying attitudes towards the reappropriation of the closing speech by forensic advisers, revealing both an implicit redistribution of decision-making power and a redefinition of their role as guarantors of procedural legality. Some perceive the advisory role as a learning opportunity and seek to draft the closing arguments themselves, which they then submit to the legal advisers for validation and adjustments. Others, on the contrary, never take advantage of this opportunity and simply forward the entire file to the advisers, entrusting them with both the task of drafting requests for expert opinions and coordinating with the expert. This variation reflects the constant tension between magistrates' desire to exercise control over their cases and the effort involved in preparing requests, even with the support of the forensic adviser. In the eyes of the advisers, however, it seems logical that magistrates would find it more convenient to "receive a document, print it and sign it" than to invest the time necessary to understand the technical aspects of the case and verify the regulatory framework that governs the analyses envisaged.

The request for expert opinion is thus reduced to an essentially administrative activity, minimising the time and cognitive costs of the procedure. Faced with the attitudes of magistrates, forensic advisers navigate between several registers of evaluation: pride when they see that certain magistrates place their full trust in them, understanding and kindness towards overwhelmed colleagues who mobilise the service appropriately, and implicit criticism of those who validate requests too quickly without checking their content. Indeed, although delegation of advice is common, it does not remove the implicit expectation that magistrates exercise minimal control over requests, given their role as guarantors of legal compliance. Mirroring this, on the magistrates' side, there is simultaneously a show of confidence and recognition of the expertise of forensic advisers, the prevalence of a logic of optimising procedural deadlines, and embarrassment at their own lack of systematic verification of requests, expressed by fear of negative judgement from the researchers they discuss with.

"In fact, there are also magistrates who trust us completely. There are magistrates to whom I send a forensic advisor, a proposal for a requisition. And within a minute, I receive the signed requisition. They haven't read the requisition."

Forensic advisor (FR)

"You're not going to like my answer very much. The expert writes it, and that's it. I should actually check the law every time to see exactly what it says and all that, but I don't have the time, or I don't take the time, but if the expert writes it, well, that's it..."

Investigating judge (FR)

Forensic advisers can thus directly influence the content of indictments and, *de facto*, partially subvert the decision-making power of the magistrate. However, this power remains closely conditioned by the expectations and attitude of the magistrates who refer cases to the forensic adviser. In addition, the preparation of requests for evidence requires in-depth knowledge and complete mastery of the case

file, in a system that is considered "unhelpful", particularly when it comes to deciphering pseudonymisation codes. In this context, magistrates tend to delegate the most thankless and time-consuming tasks to advisers, who, because of their "customer service" role, agree to take them on, less out of a desire to subvert the power relationship than out of professional obligation. In doing so, they find themselves performing functions for which they are not trained and navigating grey areas in terms of professional responsibility, which generates the discomfort already mentioned.

"We prepare the proposals for indictments for them, since we are used to it and it's part of our daily routine, so it's not a problem, but it's true that I find it burdensome (...) the system is not helpful. Even if the proposals for indictments are more appropriate, they are still very complicated, particularly all the comparisons with references, because the anonymised system is still very complicated."

Forensic advisor (NL)

Thus, while the role of forensic advisor certainly offers room for manoeuvre allowing for shifts in power, it also creates new forms of uncertainty and discomfort. Ultimately, these practices are strongly conditioned by the bureaucratic processing of case files, to the detriment of a reflective, educational approach and the development of scientific exchanges with magistrates. The expertise of advisors is thus instrumentalised to optimise the management of the system, rather than to promote collective appropriation of the technical aspects of DNA expertise. This ambivalence echoes the analysis of Laurence Dumoulin (2000), for whom forensic expertise functions as a "resource-constraint system": it simultaneously constitutes a lever for action and a limiting framework for actors. The forensic advisor fits precisely into this middle ground: they expand their own capacity for action as magistrates by translating scientific complexity into procedural terms and *de facto* appropriating jurisdictional functions, while themselves being constrained by the imperatives of rationalisation and the bureaucratic constraints that accompany the managerial evolution of criminal justice.

References

1. Crozier, M. & Friedberg, E. (1977). *L'acteur et le système : Les contraintes de l'action collective*. Paris : Éditions du Seuil.
2. Chevallier J., (1991). « La rationalisation de la production Juridique », in Charles-Albert Morand (sous la dir.), *L'Etat propulsif. Contribution à l'étude des instruments d'action de l'État*, Paris, Publisud.
3. Dumoulin L., (2000). « L'expertise judiciaire dans la construction du jugement : de la ressource à la contrainte », *Droit et société*, 44-45, pp. 199-223.
4. Dodier, N. (1993). *L'expertise médicale : Essai de sociologie sur l'exercice du jugement*. Éditions Métailié.
5. Garland D., (2001) *The Culture of Control: Crime and Social Order in Contemporary Society*, Oxford Academic.
6. Kaminski D., (2000), *Pénalité, management, innovation*. Presses universitaires de Namur.
7. Katsanis S.H. (2020) "Pedigrees and Perpetrators: Uses of DNA and Genealogy in Forensic Investigations". *Annu Rev Genomics Hum Genet*, Aug 31:21, pp. 35-564.
8. Larregue, J. (2020). « La « vérité », l'ADN et l'avocat pénaliste La mise en scène de la crédibilité dans le champ juridique », *Sociétés contemporaines*, 118(2), 133-165.
9. Machado H., & Granja R., (2020), *Forensic Genetics in the Governance of Crime*, SpringerNature.
10. March J. G., & Simon H., (1958), *Organizations*, John Wiley and Sons, New-York.
11. Wienroth, M., (2018). "Governing anticipatory technology practices. Forensic DNA phenotyping and the forensic genetics community in Europe." *New Genetics and Society* 37 (2), pp. 137-152.
12. Weber M., (1922), *Grundriss der Sozialökonomik*, Tübingen, J. C. B. Mohr, 3e éd., pp. 650-652.

4.4.3. Prospective scenarios and recommendations

To address the issues identified in the analysis of the DNA forensic process, two regulatory scenarios were developed, each reflecting a distinct approach to the structural and procedural constraints of the system. The first scenario consists of supporting and optimising the bureaucratisation of the process, consolidating standardised mechanisms while reintroducing transparency and contradictory guarantees. The second scenario adopts a different approach aimed at reducing bureaucracy by promoting reflexivity, interprofessional cooperation and the mobilisation of contextualised judgement by stakeholders.

While the reforms proposed in each perspective are not necessarily incompatible, the differentiation between the scenarios nevertheless highlights two dual optimisation approaches, one based on formalisation and automation, the other on the quality of interactions, the flexibility of practices and the promotion of reflexivity among stakeholders, with each seeking to improve the efficiency, reliability and legitimacy of the forensic process.

4.4.3.1. Scenario 1: Supporting and optimising the bureaucratisation of the forensic process

This first scenario is based on the assumption that the increasing bureaucratisation of the DNA forensic process, characterised, among other things, by task segmentation, procedural formalisation and standardisation of decision-making tools, is a structural development that is difficult to reverse. Rather than seeking to counteract it, the proposed regulation aims to support, optimise and provide a legal framework for it, so as to ensure that the process complies with the requirements of a fair trial.

From this perspective, routine is not seen as a factor of impoverishment, but as a lever for efficiency that can be consolidated. The core of the regulation is therefore to strengthen existing bureaucratic mechanisms, while reintroducing guarantees of adversarial proceedings and transparency.

4.4.3.1.1. Strengthening standardised mechanisms by opening them up to a plurality of actors

Under this scenario, rationalisation tools (request forms, decision-making diagrams, operational circulars) would be maintained and stabilised. However, their development would be extended to a group of actors who are currently marginalised, in particular lawyers and institutional representatives of fundamental rights, in order to reintroduce a plurality of viewpoints into the production of these prescriptive tools. This openness would be accompanied by increased transparency requirements: the design logic, arbitration criteria and implicit assumptions guiding the requisition models and circulars would be made public, offering practitioners, and in particular the defence, substantial scope for challenge and discussion. In the same vein, the creation of a joint committee to review the instruments, bringing together magistrates, experts, defence representatives and criminologists, would make it possible to re-establish the legal rule within a pluralistic set of actors and reduce the silent diversion from the courts induced by the routine use of technical and administrative tools that are rarely debated in a manner. This mechanism would thus aim to reconcile the organisational benefits of standardisation with the fundamental guarantees of adversarial proceedings.

4.4.3.1.2. Controlled automation of routine operations

Certain repetitive operations, which are currently particularly time-consuming and prone to error, could be partially automated. The aim would not be to delegate decision-making to the tool, but to

relieve actors of low value-added tasks and ensure a more fluid and reliable flow of information within the forensic chain.

One example is the implementation of software to decrypt pseudonymisation codes, automatically linking objects, samples and identities, while providing an overview of the analyses carried out in a case file. This operation, currently carried out manually by investigators or forensic advisers, takes a considerable amount of time and remains associated with a risk of confusion. Automating it would free up essential resources for interpretative, analytical and strategic activities, which cannot be automated.

A second example concerns the management of DNA profiles stored in the "suspects" database. Automating the deletion of profiles that are no longer relevant to the investigation would ensure compliance with legal requirements while avoiding communication failures between magistrates and database managers, which are currently linked to the structural difficulty of tracking all cases. Automatic deletion at the time of dismissal or acquittal, triggered by a notification from the court registry, would ensure immediate updating. During the investigation, a periodic notification could invite the magistrate to validate or reject the retention of the profile, thus creating a procedural safety net and reducing the risks associated with information overload.

4.4.3.1.3. Institutionalise and adapt feedback as a strategic tool

Formalising feedback is a key tool for stabilising the flow of information while consolidating sustainable collective learning. An automated notification system could be adapted to alert those who played a decision-making role in the procedure, including first responders, CSI teams and FPLs, when a DNA match occurs in a case. This notification would give these actors the opportunity to contact the magistrate or investigators in charge to obtain additional details and deepen their understanding of the situation.

This mechanism could be extended by the creation of a platform dedicated to feedback, inspired by systems such as PACOS. Each action would be tracked and accompanied by brief comments, for example to report inadequate packaging or a particularly relevant sample. Such a platform would formalise and automate the reflexive chain between actors in the field, promoting the development of best practices based on successes and mistakes observed. It would also help to reduce the contingency of information and strengthen collective ownership of the meaning of the work accomplished, while ensuring that the circulation of information does not depend solely on the goodwill of individuals or interpersonal dynamics.

4.4.3.1.4. Conclusion of scenario 1: Optimisation logic and expected effects

This scenario is part of a deliberate bureaucratic optimisation approach: it seeks not only to build on existing administrative dynamics, but also to steer them towards greater organisational efficiency while preserving, and even strengthening, the legal guarantees of a fair trial. The aim is not to increase the number of procedures, but to consolidate existing ones by making them more robust, transparent and intelligible for all stakeholders.

The optimisation sought thus goes beyond simply speeding up flows or reducing delays. It is based on a qualitative improvement in collective functioning, through several complementary objectives: reducing the cognitive burden on stakeholders by automating the most repetitive tasks, limiting errors

arising from the contingency of information and the fragmentation of responsibilities, standardising practices to ensure fair treatment of cases, and strengthening the traceability of decisions to secure judicial control and facilitate the exercise of the rights of defence.

From this perspective, bureaucratisation is no longer seen as a factor that impoverishes analysis or as a straitjacket that limits initiative, but as a regulatory infrastructure that needs to be made more transparent, inclusive and reliable. Made accessible in its logic, open to multiple contributions during the design of tools, and subject to effective adversarial control, it can function as a lever for securing practices rather than a vector for making decision-making invisible. The expected outcome is a more stable, intelligible and better controlled system, where standardisation supports rather than constrains the quality of work, and where procedural safeguards are integrated into the very heart of organisational mechanisms.

4.4.3.2. Scenario 2: Rebalancing the process through reflexivity, cooperation and initiative on the part of stakeholders

This second scenario is based on the idea that the increasing bureaucratisation of the forensic process tends to reduce the ability of actors to exercise their judgement, hinder the contextualised flow of information and weaken collective reflexivity. The proposed regulation therefore seeks not to eliminate procedures, but to mitigate their weight by creating institutional spaces that allow for the reintroduction of debate, interprofessional cooperation and greater flexibility in decision-making mechanisms.

4.4.3.2.1. Institutionalisation of exceptional measures

With this in mind, scenario 2 proposes institutionalising exceptional measures by incorporating a non-routine mode of analysis into the process. *Ad hoc* interdisciplinary committees could be mobilised for cases presenting a particular technical challenge, such as the use of phenotyping, family research, exceptional comparison, or when the number of samples taken during the procedure exceeds a certain "mass" threshold.

The aim is to legitimise the break with routine, which is essential for dealing with situations in which standardised tools show their limitations and where the contextualised, reflective and ethical judgement of those involved is essential. These *ad hoc* committees would also be responsible for collecting data on the use of the technique in question in order to facilitate an objective assessment of its real usefulness and the difficulties encountered in its implementation, in accordance with the evaluation mechanism provided for in Article 23 of the DNA Act 2024.

4.4.3.2.2. Strengthening spaces for exchange, knowledge creation and informal information sharing

This second scenario also proposes strengthening spaces for exchange, knowledge creation and informal information sharing, with the aim of consolidating horizontal support and coordination mechanisms and streamlining the decision-making process. This would involve, in particular, the establishment of a technical hotline providing immediate support, the implementation of regular and structured feedback mechanisms, and the promotion of cross-functional meetings between the police, experts, advisers and magistrates. Several concrete measures can be envisaged to achieve these objectives.

Firstly, interdisciplinary meetings would become mandatory in complex cases, based on the model of the coordination meetings already in place, but systematically involving all those involved in the DNA data collection and analysis process, in particular first responders, CSI investigators and FPL technicians, who are regularly excluded from these mechanisms.

Secondly, the creation of a cross-functional "Information, Coordination and DNA Research" (ICR) unit could be considered, integrated into the INCC and composed of technical experts, lawyers and criminologists. The ICR unit's "Information and Coordination" function would provide a hotline accessible via a dedicated number, allowing stakeholders to ask any questions, whether legal or technical, without fear of being rejected. For more complex questions, referrals to the appropriate forensic advisor or specialist would be possible, with the relevant number being provided where necessary. Next, with regard to the "Research" aspect, the ICR unit could be responsible for compiling frequently asked questions and distributing feedback to all stakeholders on an annual or biannual basis. It could also use the questions asked to contribute to the Wikiforensique suggested by the research participants. The ICR unit would also be responsible for receiving the various opinions issued by the aforementioned *ad hoc* committees, summarising them and proposing avenues for analysing the concrete effects of the use of forensic DNA on the criminal process. In partnership with the DNA Analysis Evaluation Commission (« Commission d'évaluation d'analyse ADN »), the ICR unit could issue opinions to the public authorities and participate in the development of impact studies in order to streamline the legislative process in the field of forensic DNA and thus ensure that future reforms are adapted to the constraints and expectations of those involved in the field.

Finally, efforts would be made to reintroduce study days and informal, even festive, events, allowing stakeholders to meet and exchange ideas on common themes in a relaxed setting, thereby promoting knowledge sharing, feedback and professional cohesion.

4.4.3.2.3. Critical supervision of bureaucratic instruments and strengthening of contradictory guarantees

This scenario aims to limit the prescriptive power of bureaucratic instruments by reintroducing reflexivity, transparency and legal levers of control into the forensic process.

The first step would therefore be to regulate the use of standardised decision-making tools. This would include limiting and explicitly signalling the practice of standardised pre-drafting of indictments by forensic advisers, as well as modifying existing models to require substantial justification for their use, thereby obliging magistrates to critically analyse their relevance and basis.

Secondly, existing circulars would be subject to regular critical reviews involving lawyers, fundamental rights protection organisations and criminologists. These actors could be permanently integrated into the DNA expertise unit of the College of Public Prosecutors, which is responsible for drafting circulars and indictment templates, thus ensuring that the design of these tools incorporates pluralistic and critical perspectives.

Finally, the scenario provides for strengthening the strategic levers for lawyers and magistrates responsible for monitoring compliance with legal guarantees. The first step would be to give lawyers access to the forensic advisor, at least in his role as technical consultant, to enable them to obtain the information necessary for a critical assessment of cases. Secondly, it would be advisable to set up a system for providing information on and monitoring the usefulness of recording suspect profiles, so

that lawyers can request the deletion of obsolete profiles or challenge comparisons made with profiles that should no longer be in the database. In the longer term, a legislative adjustment could enhance the subsidiarity criterion provided for by law for the use of forensic tools considered more sensitive, by rendering null and void any failure or insufficiency of justification in requests or orders issued by magistrates for the purposes of DNA analysis and comparison.

4.4.3.2.4. Conclusion of scenario 2: Optimisation logic and expected effects

The optimisation logic underlying this scenario is not based on standardisation and automation, but on the quality of interactions, collective reflexivity and the mobilisation of individual skills in a less constrained environment. The effectiveness of the forensic process is seen here as the result of the fluid circulation of information, shared learning and the ability of actors to exercise contextualised judgement. Exceptional measures, spaces for exchange and mechanisms for critical control of bureaucratic instruments are designed to maximise the relevance and reliability of decisions in accordance with the procedural guarantees imposed by law, rather than to mechanically speed up the processing of cases.

The expected effects are manifold. At the organisational level, this scenario promotes interprofessional cooperation, individual accountability and creativity among stakeholders. At the scientific and operational level, it allows for better use of technical expertise and a significant reduction in errors linked to the mechanical application of standardised procedures. Finally, from a legal and ethical standpoint, it enhances transparency, respect for fundamental rights and the effectiveness of adversarial mechanisms, thereby helping to reconcile procedural rigour with the complexity of forensic investigations. The stability and performance of the process are no longer ensured by formalisation or automation, but by the thoughtful structuring of interactions and the activation of the strategic skills of those involved at each stage of the procedure.

"At the risk of sounding like I've been smoking the carpet, I think our goal is to maintain that human touch and involvement, to give meaning, because at some point, we can give them training. We can explain the theory to them, but it's like a wheel that turns and tips the routine. We need to maintain cooperation and focus more on the human aspect. This requires a few adjustments in terms of equipment, training and access to information. It doesn't cost anything, but it's a daily task within each institution, a voluntary effort by everyone to re-engage and involve them (...)"

Commissioner, local police, FR

4.4.3.3. Analytical articulation of scenarios 1 & 2

Analysis of the DNA forensic process highlights two distinct optimisation approaches. The first aims to strengthen the formalisation and automation of operations in order to stabilise routines and secure repetitive tasks. The second seeks to promote reflexivity, cooperation and the mobilisation of contextualised judgement by actors, with the aim of improving the relevance of decisions and the quality of information flow.

Although based on different approaches, these two approaches are not mutually exclusive; on the contrary, they respond to complementary needs when considered in the context of the actual functioning of the judicial and forensic system.

4.4.3.3.1. Functional interdependence: automating to create space for reflection

The forensic system currently operates under significant constraints: excessive workloads, pressure related to caseloads, and profitability requirements. In this context, the reflective practices and opportunities for cooperation envisaged in scenario 2 cannot be developed without first reducing the operational burden. The automation and rationalisation measures proposed in scenario 1 therefore play an essential role: by reducing the burden of routine operations, limiting errors caused by repetition and reducing the cognitive load, they create the conditions that allow actors to devote time and attention to complex cases, inter-professional exchanges and decisions requiring in-depth analysis.

Thus, targeted automation (decryption of pseudonymisation codes, automated updating of DNA profiles, procedural monitoring devices) does not aim to replace judgement, but to enable its effective exercise by freeing up the organisational margins essential for increased reflexivity.

4.4.3.3.2. Feedback effect: reflexivity as a factor in rationalisation

Conversely, the reflexive and cooperative mechanisms provided for in scenario 2 themselves contribute to enhancing the overall efficiency of the process. Structured forums for exchange, technical hotlines, the ICR unit and feedback mechanisms improve the flow of information, secure data collection, reduce misinterpretations and enable more relevant use of technical resources. Although these practices are geared towards improving the quality of decision-making, they also have a rationalising effect: they limit unnecessary analysis, streamline relations between actors and improve consistency in the processing of cases. Reflexivity thus appears not only as a response to the limitations of bureaucratisation, but also as a necessary complement to its effectiveness.

4.4.3.3.3. Common dependence on structural constraints

However, both scenarios remain subject to common structural constraints: the human and financial resources of public services, the availability of skills, and changes in the legal framework.

Certain areas of tension have thus been identified throughout the forensic process, thanks to the cross-referenced accounts of the participants in the empirical investigation. The contingency of the process to material constraints, whether human (number of people available, training of those involved, etc.), financial (number of samples that can be analysed, type of analysis performed, etc.), temporal (management of audience flows, pre-filling of requisitions, etc.), or operational (lack of automated decryption software, lack of a telephone hotline accessible to those working at crime scenes, etc.) is particularly marked. These areas of friction hinder the smooth flow of information between those involved in the forensic process and prevent legal safeguards from being respected. They therefore have a direct impact on the quality of the forensic process.

In a context of limited resources, it is therefore problematic that legislators continue to introduce or allow the use of new technical tools without assessing their concrete impact on the organisation, budgets and operational capacities of the system. This lack of prior assessment undermines the overall

sustainability of the process and makes it more difficult to implement the reforms proposed in either scenario in a coherent manner.

In this regard, the development of a "Critical Point Map" of the forensic DNA process, aimed at collectively building a representation of the moments when information becomes fragile due to structural constraints external to the forensic process, seems to be an appropriate means of optimisation. Indeed, this mapping, of which the present research is a first milestone, could help guide the legislative process by making more apparent the areas of tension between the rationalisation of procedures and the creation of spaces for reflexivity, as well as the possible combinations of these different approaches, as crystallised in scenarios 1 and 2.

4.4.3.3.4. Cross-cutting conclusion

The articulation of the two scenarios is thus based on a dynamic of balance. The first provides the stability, reliability and efficiency gains necessary for the functioning of a system subject to severe constraints. The second mobilises the skills, judgement and cooperation essential for dealing with complex situations and ensuring the legitimacy of the process. Their combination aims to simultaneously and sustainably strengthen the organisational effectiveness, scientific relevance and legal robustness of DNA evidence.

4.5. Cross-sectional Results and Recommendation

4.5.1. The Logic of Optimization: A Tension Between Organizational Rationalization and Concrete Dynamics

The contemporary use of the term optimization in public administrations refers to a structural tension between the stated objectives of organizational rationalization and the concrete dynamics that shape everyday practices. Theoretically, optimization can be embodied through measures aimed at simplifying procedures, reducing administrative redundancies, improving resource allocation, and strengthening the consistency of measures. It is therefore part of a logic of efficiency understood not as commercial productivity, but as the ability to accomplish the public mission under optimized conditions, both for the public concerned and for the agents themselves.

However, in a governance context characterized by austerity and persistent budgetary constraints, this notion is frequently captured by the injunction to "do more with less." This logic translates into intensified work, compressed deadlines, and reduced professional leeway. As Belgian criminologist Dan Kaminski (2010) points out, in the criminal justice system and other highly regulated sectors, managerial rationality tends to supplant legal or normative rationality: public action is gradually becoming governed by criteria of cost and quantifiable results, while social and ethical objectives are taking a back seat. In this context, optimization becomes a "defensive" management tool, aimed at maintaining operations in the face of limited resources and quantified performance requirements, rather than a genuine tool for structured improvement.

This orientation is reinforced by the spread of organizational standards promoted by the *New Public Management* (NPM) (Hood, 1995), which values productivity, efficiency, and user satisfaction. NPM is not just a set of techniques: it is a logic of governance and rationalization that profoundly transforms the culture, practices, and objectives of public service. Its main objectives are to improve efficiency

and productivity, reduce costs, optimize the use of resources, and empower actors as managers, while modernizing administrative practices.

The normative change is particularly visible in the field of technology. As Dan Kaminski (2010, pp. 75-76) points out: "Undoubtedly, the promotion of 'penal technologies' supports and serves managerial options that have become unavoidable, under the name of productivity (which must be distinguished from efficiency) and efficiency of penal organizations." Thus, this analysis calls for caution when discussing the optimization of forensic DNA databases, a technological field with strong ideological and epistemological connotations, intertwining technical, scientific, criminological and legal considerations. It requires one to question not only the objective pursued, but also the criteria and methods used to evaluate success.

In this regard, the work of sociologists Pierre Lascoumes and Patrick Le Galès (2004, p. 12) shows that management tools are never neutral, since "any technique used creates its own effects that go beyond the expected effects." These mechanisms structure practices and orient the rationality of agents towards what is measurable and governable, redefining what is relevant and legitimate in public action. With specific regard to criminal policy, sociologist Virginie Gautron (2008) emphasizes that evaluation becomes a governance tool that favors what is quantifiable, to the detriment of the quality and meaning of missions.

This shift towards the quantifiable is part of a dynamic of "institutional acceleration", a concept developed by Hartmut Rosa (2013), where media and political pressure, increased user expectations, demands for digital responsiveness, and regulatory instability lead public organizations to operate in a state of permanent emergency. This structural urgency prevents actors from stabilizing their practices or reflecting on sustainable improvements, and the injunction to "go faster" leads to a simplification of procedures that is motivated more by organizational survival than by the search for real efficiency.

This creates a self-referential circle: urgency reinforces the centrality of rapid indicators, which fuel the politics of numbers; the latter imposes further acceleration, which degrades service quality and increases internal tensions, further reinforcing the urgency. Optimization, far from being an analytical and participatory process of transformation, is largely captured by an instrumental and managerial rationality.

The combined analyses of Gautron (2008), Kaminski (2010), and Lascoumes and Le Galès (2004) show how public modernization, even in non-market institutions, leads to the internalization of a logic of performance and productivity. Traditional missions of justice or social protection are redefined in terms of quantifiable objectives and budgetary constraints, changing the very meaning of work and the criteria for the legitimacy of public action. This phenomenon reveals a **structural contradiction between the promises of institutional improvement and the realities of emergency management, quantification, and cost management**, a contradiction that today shapes much of the debate on the modernization of public action.

4.5.2. The For2BioB Project: A Logic of Qualitative, Human-Centered and Collaborative optimization.

As stated in the research quote, the main objective of the For2-BioB project is to improve the organization and functioning of national genetic data banks (BNDG) as tools for producing judicial truth, while ensuring compliance with ethical and legal constraints in a context marked by frequent and significant changes.

To achieve these objectives, the project is structured around two complementary components.

First, the organizational component aims to optimize the use of DNA databases in the criminal justice system, as well as related technologies. This involves integrating into the analysis the practices of actors in the field, new technologies and their development prospects, as well as demographic changes that may influence the genetic characteristics of the populations concerned. Second, the ethical and legal component focuses on the legal framework and on developing scenarios to inform the thinking of legislators and experts. The aim is to propose ways of reforming the applicable rules, taking into account their effective implementation by practitioners in the field.

This approach reflects a logic of **qualitative improvement** of the project, which prioritizes the relevance, reliability, and consistency of practices, rather than a simple increase in productivity or quantitative efficiency. It thus differs from the dominant managerial optimization logic, where priority would be given to cost reduction, process acceleration, and quantitative performance measurement.

Compared to theoretical developments on optimization in public action, the For2-BioB project illustrates a reflective and structured approach that takes into account the complexity of the field, social and ethical goals, and the ethical dimension of practices. Unlike New Public Management systems, where optimization tends to be captured by the politics of numbers, institutional urgency, and managerial rationality, For2-BioB favors an **integrative and participatory approach**.

The project results thus show how optimization can be conceived as a tool for qualitative and normative improvement, rather than as an instrument of defensive rationalization aimed solely at quantifiable performance or the standardization of practices.

To achieve these objectives of quality and relevance, the projects results are structured around three complementary axes. The first aims to limit quantity in favor of quality, ensuring compliance, representativeness, and control of tools and data. The second focuses on supporting stakeholders and preserving the human, ethical, and normative dimensions of the judicial process, taking into account workload, uncertainties, and normative choices generated by innovation. Finally, the third bridges science and practice, leveraging interdisciplinary, inductive, and pedagogical research to translate scientific knowledge into operational and normative recommendations, thereby promoting an evidence-informed and sustainable optimisation of the forensic DNA process.

4.5.2.1. Limiting Quantity in Favor of Quality: Compliance, Representativeness, and Control of the Tools and Data.

Optimizing forensic DNA databases does not consist of mechanically increasing the volume of profiles or multiplying the amount of accessible data in order to generate more matches. On the contrary, it is a process of qualitative improvement based on several complementary dimensions. First, ensuring

substantial compliance involves assessing the reliability, usefulness, and legality of the forensic DNA process. Second, promoting representativeness requires careful attention to how different populations are exposed to DNA technologies, integrating normative and operational perspectives to prevent disproportionate impacts. Third, shaping practices under real organisational, technical, and resource constraints highlights the central role of control, understood as a structuring mechanism that aligns legal, technical, and social dimensions of forensic practice while remaining operationally feasible.

4.5.2.1.1. Ensuring Compliance: Reliability, Utility, and Legality in Forensic DNA

With a view to qualitative optimisation, the value of the genetic database is not indexed to the number of profiles it contains or the number of matches generated, but rather to the compliance of the comparison process, and more broadly the forensic process, with a set of standards. Compliance can be broken down into three aspects: reliability, understood as compliance with value standards; usefulness, understood as compliance with pre-set objectives; and legality, understood as compliance with human rights and fundamental freedoms. Each of these aspects is crystallised by the results of the For2bioB project.

First, the work carried out in the first part of the project, during **WP 1 and 2** illustrates this compliance-oriented approach: the objective is not to simply "expand" the database, but to problematize and explore the tensions between its expansion and the quality of the comparisons produced. The research has thus highlighted that the size of the DNA database directly influences the risk of false positives, which in turn affects the reliability of threshold values. Thus, while the previously established LR (Likelihood Ratio) threshold of 10^9 remains effective in preventing false positives, other thresholds, such as the RMP (Random Match Probability) and secondary LR, require reassessment as the database expands. Similarly, while the inclusion of partial profiles in the database for potential comparisons is of definite operational interest, this must be weighed against the risk of database saturation. One of the suggestions from the research is therefore to include low-marker profiles only in high-profile cases, or to automatically remove them after a defined retention period when linked to minor offenses. These approaches help reduce the accumulation of low informative profiles and maintain the database's efficiency.

This idea of balancing the increase in available tools and information with the adjustments necessary to guarantee their reliability, but also their usefulness, is also reflected in the second part of the research. Indeed, research conducted within **WP4** leads to the conclusion that, in the regulation of the use of DNA technologies, optimization cannot be understood merely as a technical adjustment aimed at maximising the efficiency of a given regulatory arrangements. Such an approach, largely inherited from managerial rationality, rests on the assumption that objectives are clearly identifiable, stable over time and measurable, and that the means required to achieve them can be assessed with a reasonable degree of reliability. In the field of forensic DNA technologies, however, these assumptions are profoundly weakened. The expectations placed on the regulatory arrangements, the needs it is meant to address, the resources actually available, and the organisational, scientific and legal constraints that shape its operation are difficult to identify and even more difficult to quantify in advance. The very endeavour of optimisation thus encounters a form of structural uncertainty that renders any claim to a rigorous cost/benefit calculation largely illusory. Moreover, optimisation concerns a set of practices that entail significant interferences with fundamental rights, foremost

among them the right to respect for private and family life. This dimension is all the more salient given that the concrete effects of these practices extend well beyond the individuals directly targeted by criminal investigations, implicating other persons, such as biological relatives, or even broader groups whose exposure to the regulatory arrangements is indirect yet real.

In this context, optimisation must be reconceptualised as a fundamentally normative operation, concerned not only with the efficiency of the means employed but also with the quality of the justification of the choices made. Optimising no longer means producing more or faster, but being able to explain why a particular interference is deemed acceptable, under what conditions, with which safeguards, and for whose benefit. This approach follows directly from the findings of WP4, insofar as it calls for integrating, within a single line of reasoning, the scientific reliability of the tools, their operational usefulness and their compatibility with human rights requirements, without any predetermined hierarchy between these dimensions, while respecting the legal invariants identified through the analysis.

Finally, the exploration of the practices of those involved in the forensic process undertaken during **WP5** highlighted the importance of going beyond a purely formal and quantifiable analysis of the effectiveness of the forensic process, and instead focusing on the deployment and concrete effects of these techniques among those involved in the process. Thus, contrary to an idealized image of optimization through performance, the results of WP5 highlight the effects of workload on the practices of stakeholders and the risk of weakening the forensic process. Besides, the 2024 DNA Act, which legalizes new DNA techniques, has not been welcomed with great enthusiasm by stakeholders, as these tools are complex, resource-intensive, and seem appropriate only in exceptional cases that do not reflect the daily needs of stakeholders. Their expectations in terms of reform clearly illustrate this disconnect: stakeholders generally want easier access to a larger number of profiles in order to obtain positive links with a high degree of reliability. They therefore still largely adhere to a traditional approach to identification, rather than intelligence. This disconnect between what science allows and what the law prescribes places stakeholders in a paradoxical situation: they are encouraged to innovate by using new tools, but within a framework that restricts their room for maneuver, which undermines their commitment, delays the adoption of new systems, and generates frustration among experts and confusion among lawyers in their daily practice. This disconnect also illustrates the contingent nature of forensic DNA techniques: the technique is not an end in itself, but a potential resource that can be activated, or not, depending on the constraints and concrete objectives of the actors involved.

DNA expertise thus appears to be both a useful and fragile tool: it sheds light on the investigation but is never sufficient on its own to establish guilt, requiring rigorous contextualization to avoid interpretative abuses. Furthermore, the results of DNA analysis appear to be inseparable from the conditions under which they are produced. Understanding what DNA "says" therefore requires an interest in how it is produced, i.e., the network of operations, choices, and localized knowledge that make its existence possible. It is more complex than simply "enabling more matches to be made."

Finally, as with WP1 and WP2, the results of WP5 problematize the current contents and expansion of DNA databases. Notably, WP5 raises the question of the practical usefulness of certain DNA profiles still contained in the database. Indeed, as highlighted in the presentation of the results, although

Article 4 and Article 4 bis §2, paragraph 1 of the DNA Act of 1999-2011 stipulate that DNA profiles and associated data stored in the 'Criminalistics' or 'Missing Persons' database must be deleted "on the order of the public prosecutor when their retention [...] is not or is no longer useful for the purposes of criminal proceedings or the search for the missing person," in practice, this provision is never 'activated' by those responsible for monitoring the legality of the database. This results in the de facto existence of an illegal database containing the profiles of persons who have been acquitted or who are no longer considered suspects, which constitutes a violation of various legal principles, identified during WP4, such as Article 8 of the ECHR.

4.5.2.1.2. Qualitative Inclusivity: Addressing Representativeness in DNA Forensics

Optimisation conceived only in abstract terms, without due regard for the concrete dynamics that shape society, risks naturalising inequalities in exposure to penal control, thereby undermining both the legal legitimacy of the framework and its social acceptability. Thus, special attention must be paid to how the most vulnerable populations are taken into account in the forensic process. This specific attention to the representativeness of the forensic process is reflected at various levels of the research results.

First, the creation of the "Rare Allele Finder" tool during **WP3** alludes to the potential lack of representativeness of the Belgian reference population. Although the comparison between the Belgian reference population and the BE-CODIS database showed minimal influence on statistical outcomes, broader comparisons across global populations revealed substantial variation. If the comparison is limited to the level of a (rare) allele, concerns about the representativeness of the Belgian reference population become more pronounced. This is because an allele that is supposedly rare in one subpopulation present in Belgium could be quite common in another segment of the population currently living in the country. It is important to consider that the Belgian reference population used was established in 2012, and since then, numerous migration phenomena have changed the demographic structure significantly (see Belgian population statistics table).

Moreover, the analyses conducted within **WP4**, shows that the issue of representativeness, understood as relating to the individuals, groups and populations concretely targeted by the use of DNA technology in the context of criminal investigations, calls for an in-depth qualitative assessment. Rather than primarily questioning the statistical composition of the data mobilised, this perspective focuses on the ways in which certain individuals are, more frequently than others, exposed to intrusive investigative measures, criminal suspicion and the resulting forms of control. WP4 highlights the need to integrate these concerns from the very design of the regulatory frameworks, by requiring that targeting logics be made explicit, that the criteria, whether explicit or implicit, guiding the selection of situations subject to technological investment be clarified, and that the differentiated effects of these choices on specific population groups be taken into account.

From this perspective, one might provocatively argue that the scarcity of resources constitutes, in practice, one of the most effective constraints on the uncontrolled expansion of interferences exercised by public authorities. Limited operational capacity, infrastructure and personnel may indeed de facto restrict the large-scale deployment of intrusive frameworks and curb certain dynamics of normative or technological expansion. However, this form of "default protection" does not operate uniformly. On the contrary, it tends to recede precisely where the limited resources of the criminal justice system are most heavily concentrated, namely on certain identifiable groups already

disproportionately exposed to penal control. Scarcity thus no longer offers general protection, but instead redistributes the intensity of interference by concentrating it on specific populations, with the risk of reinforcing dynamics of targeting and over-exposure.

This concentration calls for a thorough reflection on how discrimination materializes in practice within DNA-based frameworks. It is not confined to the well-documented effects of familial searching, which tends to implicate extended biological circles, but also intersects with other axes. Paternal lineage markers, such as Y-STRs, introduce a gendered dimension to exposure to suspicion and investigation by focusing attention on male lineages. Likewise, socio-economic variables, though rarely made explicit in legal norms, indirectly shape the selection of investigative contexts, sampling practices and the prioritization of limited resources. The scenarios developed in WP4 show that these different axes of discrimination, familial, gender-based and social, do not merely accumulate, but intersect and mutually reinforce one another. Consequently, any reflection on representativeness that fails to explicitly integrate these dimensions risks producing an illusory form of optimization: scientifically fragile and legally difficult to sustain.

These findings are supported by those of **WP5**, which focuses in particular on the practical “activation” of safeguards by litigants in criminal proceedings. One of the lawyers participating in the research refers to a ‘culture of the suspect’ to describe the phenomenon whereby, in the context of criminal investigations, suspects tend to routinely accept highly intrusive measures that they could, in theory, challenge. According to him, this acceptance is part of an instrumental logic in which the energy required to take action is considered ‘colossal’, while the outcome is highly uncertain. This ‘culture of the suspect’ can be seen as a form of internalization of the state's investigative power: those subject to justice accept without question because the routine nature of the procedure and the apparent authority of the investigation dissuade them from protesting.

Based on this observation, which relativizes in itself the idea that individuals can guarantee their own protection, the WP5 scenarios propose rethinking the protection of the most vulnerable individuals directly at the stage of normative creation. One of the proposals is to involve a range of actors who can represent the interests of the most vulnerable litigants, such as lawyers or representatives of associations that protect rights and combat discrimination, in the development of decision-making tools (judicial request templates, decision-making diagrams, operational circulars). This openness would be accompanied by a greater requirement for transparency: the design logic, arbitration criteria and implicit assumptions guiding the requisition templates and circulars would be made public, offering practitioners, and particularly the defense, substantial scope for challenge and discussion. This particular attention to minority populations is reflected not only in the composition of the bodies responsible for developing standards, but also in that of the ad hoc committees that would be responsible for determining the conditions for the operational deployment of certain sensitive techniques, such as DNA phenotyping, and for assessing their effects on the most at-risk sub-populations.

4.5.2.1.3. Shaping Practices Under Real Organisational, Technical and Resource Constraints: Control as a Structuring Dimension of Qualitative Optimisation.

Control constitutes a central dimension of optimisation in the use of forensic DNA technologies. Far from being a purely ancillary or corrective mechanism, it operates as the point of articulation between

normative requirements and their concrete implementation in practice. In this perspective, optimisation cannot be reduced to the multiplication of control procedures, but must be understood as the design of control arrangements capable of effectively shaping practices under real organisational, technical and resource constraints. Across the different work packages, control emerges not as a peripheral safeguard, but as a structuring dimension of the qualitative optimisation of forensic DNA databases, operating across different levels (technical, legal and organizational) by analysing the robustness of tools in controlled environments, the structuring role of regulatory frameworks, and the conditions under which protection standards are effectively activated by practitioners.

In the context of **WP1 and 2**, this logic is first operationalised through the testing of the robustness of the database in a controlled environment. To this end, a representative simulated national DNA database was constructed using a custom in-house dataset, populated with synthetic DNA profiles generated on the basis of allele frequency distributions observed in Belgian forensic data. This experimental framework made it possible to assess the behaviour of inclusion and comparison tools under controlled conditions, independently of investigative contingencies, thereby strengthening the reliability and interpretability of the results.

The work conducted within **WP4** extends this understanding by conceptualising control as the point of articulation between normative regulation and its concrete implementation. Control thus constitutes a central lever in the legitimacy of public action, unfolding across three inseparable dimensions: legal, through the protection of fundamental rights and the principle of proportionality; technical, through the mastery of forensic tools and the reliability of the results they produce; and social, through the acceptability of practices and the trust they generate within society. From this perspective, control cannot be reduced to the accumulation of formal checks or procedural constraints. On the contrary, optimisation does not consist in multiplying control mechanisms, but in designing regulatory arrangements capable of effectively shaping practices in light of the resources and capacities actually available.

The effectiveness of control mechanisms is therefore closely dependent on their anchoring in organisational realities. Controls that lack a sufficient operational foundation tend to become routinised or automated, gradually losing their capacity to provide substantive protection for the rights they are intended to safeguard. Paradoxically, the proliferation of isolated and formalised controls may weaken regulation by increasing procedural burdens without improving the quality of implementation. WP4 thus highlights the need for control frameworks with a general and transversal scope, capable of exerting a diffuse yet tangible influence across practices as a whole, rather than intervening systematically at the level of each investigative act. Such an approach preserves a meaningful link between control and implementation while maintaining the operational sustainability of frontline work. Optimisation appears here as an exercise in reasoned prioritisation: not controlling more, but controlling better, by ensuring coherence between legal requirements, technical constraints and societal expectations.

Finally, **WP5** shows that the effectiveness of control also depends on its activation by the actors involved, within contexts shaped by material constraints and strategic considerations. As underlined in the findings, the central figure in this control, the case magistrate, appears to be a paradoxical actor, both powerful, because he has an overall view of the case, and deficient, because he does not have the technical skills to make appropriate decisions. He has hierarchical power, but appears to lack the

strategic skills to anchor his authority. The magistrates' shortcomings are apparent in the legal field. They implicitly acknowledge their difficulty in keeping up to date with legislative developments in the field of forensic DNA, despite their formal role as guarantors of legality. Their knowledge is essentially instrumental and operational, focusing on mastery of procedures rather than questioning the underlying issues. This procedural orientation is reinforced by the explicit consideration of cost management: the logic of rationalisation acts as an additional filter on this form of administrative knowledge. This lack of knowledge of the legislation governing DNA expertise is shared by those responsible for overseeing the decisions of permanent magistrates, such as solicitors or members of the indictment division. If they do not have to resort to the standard, either because it is not in their strategic interest to do so or because they are not faced with a specific request, then the rule remains unknown or has no real regulatory effect.

Thus, legal standards often operate as latent constraints, whose mobilisation depends on logics of efficiency: managing procedural flows for judges, or optimising defence strategies for lawyers. In this sense, it is not the existence of the standard as such that determines its effectiveness, but its integration into systems of resource management, professional routines and strategic reappropriation. These findings support the need to integrate control reflexively into decision-making processes at different levels, as suggested in the scenarios of WP5.

4.5.2.2. Beyond Technical Performance: Supporting Stakeholders and Preserving Human, Ethical, and Normative Dimensions in the Forensic DNA Process.

Optimisation cannot be understood solely as a technical or organisational adjustment, it also entails sustained support for the actors who give substance to forensic practices. This implies preventing unnecessary overload, improving work tools and information systems, clarifying responsibilities, and reducing ancillary tasks so that professionals can focus on their core missions. More fundamentally, supporting stakeholders means preserving the meaning of their work by creating conditions that enable understanding, coordination and reflexivity, rather than merely accelerating processes or increasing output. From this perspective, supporting stakeholders requires moving beyond an abstract or purely instrumental conception of optimisation. It calls, first, for a critical assessment of the human, cognitive and organisational costs generated by innovation, as well as of the uncertainty and normative choices that accompany technical and regulatory developments. It also implies the deliberate creation of spaces for reflection, communication and coordination, capable of sustaining professional judgment, ensuring the intelligibility of practices and maintaining the ethical and social legitimacy of the forensic process.

The following sub-sections explore these two complementary dimensions, by examining both the effects of innovation on everyday practices and the conditions under which reflexivity can be effectively embedded within the forensic system.

4.5.2.2.1. Assessing Uncertainty, Workload, and Normative Implications of Technical Innovations

The results of **WP1 and 2** show that certain technical innovations may indeed contribute to a more robust and efficient forensic process, provided that their human and organisational implications are taken into account. In particular, the transition towards likelihood ratio (LR)-based comparison methods represents a significant improvement, insofar as it assigns a statistical value to each match based on its probative strength rather than on the mere number of shared markers. This approach

not only refines the interpretation of results but also has the potential to reduce the workload of DNA laboratories, by limiting the need for supplementary requests and follow-up analyses.

However, these benefits are conditional. The inclusion of lower-marker DNA profiles, for example, requires the combined use of LR and random match probability (RMP) thresholds in order to preserve the reliability of matches and the efficiency of the DNA database. Increasing the number of detectable matches always entails trade-offs, notably in terms of the accuracy of results and the intelligibility of statistical reasoning. This, in turn, generates new demands in terms of communication, coordination and training. Such demands cannot be addressed by assuming that all actors will spontaneously appropriate increasingly complex statistical tools. On the contrary, they introduce zones of uncertainty that may weaken the overall forensic process if they are not adequately supported. Innovation must therefore be assessed not only in terms of technical performance, but also in light of its cognitive costs for practitioners.

The reflections developed within **WP4** further deepen this analysis by highlighting the structural uncertainty that characterises optimisation in the field of forensic DNA technologies. The variables on which classical optimisation models would ordinarily rely (anticipated effects, organisational impacts, or measurable benefit) are, in most cases, impossible to quantify *ex ante*. The actual consequences of expanding the categories of retained DNA profiles, increasing reasoning requirements, or introducing new procedural obligations largely escape reliable prior assessment. As WP4 shows, the empirical literature available remains limited, highly context-dependent and difficult to transpose across legal systems. In this context, persisting in conceiving optimisation as a conventional cost/benefit calculation amounts to sustaining a methodological fiction that obscures uncertainty rather than confronting it.

Faced with this impasse, WP4 proposes a reconceptualisation of optimisation as a method of structured tension. Rather than aiming to produce quantified outcomes, this approach seeks to make explicit the assumptions, trade-offs and areas of uncertainty that underlie normative choices. The scenario-based instrument developed within WP4 does not claim to predict future effects with certainty. Instead, it structures legal reasoning by requiring that available options and their potential implications be articulated and debated. This shift replaces a logic of apparent performance with one of assumed responsibility, in which uncertainty is no longer concealed but integrated into decision-making processes. This methodological transformation carries a crucial implication. When means, effects and benefits cannot be credibly quantified, optimisation inevitably moves from the domain of technical instruments to that of normative choices. This shift reveals the fundamentally ideological dimension of optimisation exercises in this field, insofar as they involve privileging particular conceptions of social order, public authority and the management of deviance. To optimise norms is not merely to improve efficiency, but to decide what should be tolerated, what may be monitored, and what justifies intensified interference, regardless of whether such choices can be empirically demonstrated to be effective.

The analysis of the parliamentary preparatory works relating to the 2024 DNA Act provides a clear illustration of this dynamic. Legislative emphasis was placed on measures that were relatively easy to implement and generated limited social resistance, despite their modest forensic added value and significant organisational and human costs. In a context marked by emergency-driven lawmaking, speed of action tended to substitute for quality of justification, and optimisation functioned as a screen for political choices that were neither fully assumed nor genuinely debated. The findings of

WP4 thus call for this ideological dimension to be made explicit and reintegrated into normative discussion, so that optimisation ceases to operate as a technocratic catchword and becomes an object of legal and democratic deliberation.

Finally, the results of **WP5** bring the analysis back to the level of everyday practices, by highlighting the impact of workload and resource constraints on the fragility of the forensic process and on the production and use of expert evidence. The empirical findings underscore the fundamentally contingent nature of DNA expertise: understanding what DNA “says” requires attention to the conditions of its production, namely the network of operations, choices and situated knowledge that make it possible. DNA expertise thus appears less as a simple technical outcome than as the expression of a systemic matrix of information, which is both reflexive and co-constitutive. This matrix is shaped by the contributions of the actors who feed it, while simultaneously guiding their interpretations and decisions, thereby crystallising a tight circularity between the production and use of expert knowledge.

This circularity raises two key issues. The first concerns the integrity and relevance of the data that constitute the matrix; the second relates to its accessibility for all actors in the forensic chain, which presupposes effective circulation, sharing and translation of information. Traditional optimisation approaches, characterised by increased task segmentation, intensified workloads and accelerated practices, stand in clear contradiction to these requirements. By constraining the circulation of information and limiting spaces for reflection, they undermine both the production and the appropriation of expert knowledge. Paradoxically, managerial and quantitative optimisation of the forensic process thus tends to compromise its proper functioning, generating risks not only for the quality and use of expertise, but also for the commitment of practitioners, the meaning they attribute to their work and, ultimately, the overall quality and legitimacy of the forensic process.

4.5.2.2.2. Promoting Reflection, Communication, and Coordination among Stakeholders

The analyses conducted across the different work packages converge on the idea that the optimisation of DNA-based investigative frameworks cannot be dissociated from the establishment of structured spaces for coordination, reflexivity and communication.

For instance, with regard to the comparison of matched profiles, **WP1 and 2** underline that the relevant operational choices cannot be determined solely on technical grounds. They require ongoing collaboration between DNA database operators and forensic laboratories, within a framework that integrates legal, ethical and organisational constraints, in order to preserve both the performance and the integrity of the system.

Building on these findings, **WP4** shows that human rights function as genuine normative benchmarks in the optimisation of DNA technologies, shaping both the justification of interferences and the social legitimacy of regulatory arrangements. From this perspective, reflexive spaces are not a peripheral addition to existing frameworks, but a constitutive element of their quality. By maintaining an effective link between the objectives pursued, the modalities of implementation and the concrete effects of practices on individuals and groups, they prevent control mechanisms from degenerating into routinised formalities or purely symbolic instruments. Reflexivity thus plays a central role in articulating regulation, control and implementation.

WP4 further emphasises that reflexivity must itself be structured and differentiated according to the nature of the issues at stake. Questions involving a high degree of technical complexity may appropriately be entrusted to expert committees or specialised commissions, provided that these bodies incorporate forms of external and societal representation, so as to avoid technocratic closure. By contrast, fundamental issues relating to the purposes of the framework, the acceptable scope of interferences, or the categories of populations affected, fall primarily within the responsibility of the legislator. These decisions require normative choices that should be informed by expertise but not substituted by it. These reflexive spaces are therefore best conceived as nested and complementary, rather than interchangeable, thereby reinforcing the overall coherence of the regulatory framework.

At the same time, WP4 cautions that such arrangements entail tangible costs, in terms of time as well as financial and human resources. This raises the question not only of their appropriate scope, but also of the very object of regulation. Regulating DNA in isolation may prove overly narrow, leading to the multiplication of reflexive mechanisms without a comprehensive view of technologically intensive investigative practices as a whole. Optimisation thus requires less an accumulation of spaces for control and reflection than their reasoned prioritisation, guided by what is genuinely at stake for fundamental rights and for the social legitimacy of penal action.

The **WP5** scenarios operationalise these insights by articulating reflexivity and rationalisation as mutually reinforcing dynamics. On the one hand, targeted automation and procedural rationalisation are presented as preconditions for reflexive practices. In a forensic system characterised by heavy workloads, time pressure and performance constraints, reflexivity and interprofessional cooperation cannot develop without first alleviating operational burdens. Measures such as the automation of pseudonymisation code decryption, the automated updating of DNA profiles or the implementation of procedural monitoring tools do not aim to replace professional judgment, but to create the organisational margins necessary for its effective exercise, by reducing routine tasks, limiting repetition-induced errors and lowering cognitive load.

On the other hand, WP5 shows that reflexive and cooperative mechanisms themselves contribute to the rationalisation of the forensic process. Structured forums for exchange, technical support units, feedback mechanisms and interprofessional coordination tools improve the circulation of information, secure data collection, reduce errors and misinterpretations, and foster a more relevant allocation of technical resources. Although primarily oriented towards improving the quality of decision-making, these practices also have a rationalising effect: they limit unnecessary analyses, streamline interactions between actors and enhance the consistency of case handling. Reflexivity thus emerges not merely as a response to the shortcomings of bureaucratisation, but as a necessary complement to its effectiveness.

4.5.2.3. Bridging Science and Practice: Interdisciplinary Research as a Driver of Qualitative Optimisation in Forensic DNA

This section explores how the For2bioB project integrates fundamental, inductive, and pedagogical dimensions of scientific research to support both the practical and normative optimisation of forensic DNA processes. By combining technical, legal, and criminological perspectives, the project does not merely analyse the system from an abstract standpoint, it actively fosters connections between research and field practice. Through interdisciplinary methodologies, participatory approaches, and scenario-based tools, the project translates complex scientific insights into actionable

recommendations, ensuring that innovations in forensic DNA are both evidence-informed and operationally sustainable.

4.5.2.3.1. Methodological Foundations and Project Construction

A transversal feature of the for2bioB project lies in its fundamentally interdisciplinary design, which articulates technical, legal, and criminological perspectives to understand, evaluate, and improve the DNA comparison process. The project operates at the intersection of technical, operational, and normative dimensions, combining theoretical analysis with a grounded study of practitioners' actual practices. A key deliverable exemplifying this approach was the professional training day held on November 27, 2025 targeted at Belgian practitioners, including police officers, magistrates, and lawyers. This event aimed not only to disseminate research findings but also to provide concrete recommendations supporting improvements in the forensic DNA process.

This emphasis on bridging fundamental research and operational practice is reflected methodologically across all work packages.

First, the development of the NICC frequency calculator in **WP3** illustrates the project's commitment to fundamental research. The tool is not intended for routine operational implementation, as its performance is subject to several uncertainties, including its sensitivity to the underlying data and the risk that increasing migration may limit its validity over time. Rather than serving as an operational or intelligence tool, the calculator was developed to explore what can be achieved with the forensic data currently available. In particular, it functions as an analytical instrument to examine and illustrate differences in allele frequency distributions between populations, thereby supporting exploratory research and methodological insight rather than direct forensic application.

Additionally, the results of **WP1 and WP2** provide methodological proposals for workflows that could potentially be implemented in DNA laboratories, particularly with regard to the inclusion of DNA profiles and the role of DNA database experts in match determination. However, these findings remain preliminary and require further research before operational application can be considered. Future work should address, for example, the inclusion of mixed DNA profiles and familial relationships within simulated databases. Moreover, the proposed workflows should be validated using real-life cases and discussed in close collaboration with DNA laboratories to assess their practical feasibility and resource implications. In this sense, the outcomes of WP1 and WP2 demonstrate the potential of novel inclusion and comparison criteria to improve DNA database performance, while underscoring that decisions about implementation must ultimately be made in dialogue with practitioners and other stakeholders in the field.

WP4, meanwhile, translates the abstract principle of reflexivity into practical methodology through the creation of instruments for scenario-building, visualisation, and mapping. These tools result from an iterative process combining legal analysis, attention to technical constraints, and close observation of how regulatory arrangements are implemented in practice. The effort involves an explicit translation: scientific knowledge is rendered into legally intelligible categories, legal norms are converted into implementable scenarios, and organisational choices are represented in ways that are both legible and open to discussion. The primary purpose of these instruments is to make explicit the choices that often remain implicit or fragmented in the ordinary functioning of the penal system. Scenario-building structures the options available to legislators and practitioners by highlighting

tensions between operational effectiveness, procedural guarantees, and human rights protection, while visualisation and mapping provide a shared framework for discussion that integrates normative, technical, and organisational dimensions and facilitates dialogue among actors with diverse forms of expertise and institutional logics.

In this sense, WP4 constitutes a structured deliberative space rather than a purely analytical component. It is designed not only to inform future decisions but to create conditions under which those decisions can be justified, debated, and reassessed in light of human rights, social legitimacy, and practical constraints. WP4 thus embodies a methodological *mise en abyme*, applying principles of reflexivity, transparency, and plurality to its own approach, mirroring the regulatory ideals it promotes for forensic DNA practices.

Finally, **WP5** complements this framework through a qualitative, inductive, and participatory methodology, examining how actual practices diverge from normative frameworks and how actors' relationships evolve across the stages of DNA expertise – collection, analysis, interpretation, use, and control. The research highlights power dynamics, their redistribution, and their influence on both forensic outcomes and regulatory arrangements, drawing on the strategic actor theory developed by Michel Crozier and Erhard Friedberg. The investigation seeks to illuminate actors' objectives, motivations, resources, constraints, and strategies. Methodological diversification is central to WP5's approach, with semi-structured interviews fostering trust and providing participants freedom to guide conversations, while group analysis allows actors to collectively examine situations, compare hypotheses, and collaboratively problematize issues. Inductive and participatory methods also inform scenario-building and policy recommendations, ensuring that the outputs of the project are grounded in empirical findings and aligned with the constraints, expectations, and inputs of field practitioners, thus directly bridging the gap between research and practices.

4.5.2.3.2. Translating Research Into Recommendations

Work packages 1, 2, and 3 produce a combination of specific recommendations and exploratory scientific findings, while WP4 and WP5 contribute scenario-based guidance informed by interdisciplinary and empirical research. Beyond these WP-specific outputs, the project advances a transversal recommendation, reflecting the overarching imperative of optimisation grounded in interdisciplinary research and the ambition to bridge scientific knowledge with operational practices in the field.

This cross-cutting recommendation advocates for **the institutionalisation of ex ante impact assessment within the legislative process governing forensic DNA**. Such an assessment would serve multiple purposes. First, it would objectively measure the financial, human, and organisational costs associated with any proposed technical innovation. Second, it would evaluate expected benefits in concrete terms, taking into account available resources, operational constraints, the actual practices of stakeholders, and the tangible effects on the objectives of the criminal justice process. Third, it would establish an evaluation methodology tailored to the specificities of DNA evidence, drawing on scientific, criminological, technical, and legal knowledge. Finally, the assessment would be conducted by an established body in conjunction with the DNA Evaluation Commission, ensuring representation of researchers from all relevant disciplines, including criminology, law, and forensic sciences.

The systematic integration of such impact assessments would enhance the coherence and sustainability of the forensic system, preventing the introduction of technical innovations from

overburdening an already fragile infrastructure and ensuring that reforms are genuinely aligned with the capacities and needs of stakeholders. Importantly, this approach does not aim to hinder innovation, but to ensure that it is operationally relevant, practically feasible, and socially responsible.

Building on this recommendation, **a future research project** could be designed and financed to develop the methodology for these assessments. This project could incorporate comparative dimensions, examining impact assessment practices in other countries and how the effectiveness of forensic tools is measured in different legal and operational contexts. It could also include a longitudinal review of reports produced by the NICC regarding forensic analysis, identifying recurring issues or tracking the evolution of challenges highlighted in previous studies, such as the Be-Gen project, also financed by BELSPO (Renard et al: 2019).

Such a research initiative would further consolidate the link between fundamental research, operational practice, and normative development, ensuring that legislative and technical innovations in forensic DNA are evidence-informed and contextually grounded.

References

1. Gautron, V. (2008). « L'évaluation de la politique criminelle : des avancées en trompe-l'œil ? », *Archives de politique criminelle*, 30(1), 201-219.
2. Hood, C. (1995). "The "New Public Management" in the 1980s: Variations on a theme." *Accounting, Organizations and Society*, 20(2-3), 93-109.
3. Kaminski, D. (2010). *Pénalité, management, innovation*. Namur : Presses universitaires de Namur.
4. Kaminski, D. (2013). « Que font faire les technologies à la justice pénale ? » *Déviance et Société*, 37(3), 255-264.
5. Lascoumes, P., & Le Galès, P. (2004). *Gouverner par les instruments*. Paris : Presses de Sciences Po.
6. Renard, B., Vander Beken, T., De Hert, P., Stappers, C., De Moor, S., Gallala, I., Praile, P., & Struyf, P. (2019). *Understanding the operational, strategic, and political implications of the National Genetic Database. Final report*. Brussels: Belgian Science Policy (BRAIN-be - Belgian Research Action through Interdisciplinary Networks), 147 p.
7. Rosa, H. (2013). *Accélération. Une critique sociale du temps*. Paris : La Découverte.

5. DISSEMINATION AND VALORISATION

5.1. Final Conference

5.1.1. Internal dissemination - Organisation

- **“L’ADN en matière pénale, Nouvelles responsabilités, nouvelles perspectives / DNA in het strafrecht, Nieuwe verantwoordelijkheden, nieuwe perspectieven”, 27th November 2025, Bruxelles, Belgium.**

Abstract: This bilingual event, which concludes the interdisciplinary For2-BioB project led by INCC and UCLouvain, brings together researchers and professionals to discuss Belgian DNA regulations, particularly the 2024 reform. This conference offers a scientific and critical reflection on DNA in criminal matters, informed by empirical approaches carried out with actors in the field. It explores the technical and legal dimensions of DNA analysis and comparison methods recently legalised in Belgium, such as Y-STR and mtDNA, phenotyping and family research, as well as their practical uses by the practitioners concerned. It also questions the ethical issues related to contemporary developments in forensic DNA and future prospects in the field, with contributions from Belgian and international experts. Valid for continuing professional development (applications pending), the conference will be translated (NL-FR) and is aimed at magistrates, police officers, experts, lawyers and researchers who wish to understand and question Belgian legislation on forensic DNA.

5.1.2. Internal dissemination - Presentations

- **“De wet op de proef gesteld door de techniek: korte geschiedenis van de Belgische DNA-wetgeving, evolutie van DNA-databanken en technische aspecten [FR/NL]”, Dr. Séverine STEUVE (NICC) & MSc. Tine DORNÉ (NICC).**

Abstract: This presentation, delivered at a final symposium, evaluated the evolution of Belgian DNA legislation since 1999. Each legislative amendment was discussed, highlighting key innovations and framing them within the context of the For2-BioB project. This project critically examines current practical applications within the Belgian DNA database, focusing in particular on the impact of inclusion and comparison criteria, as well as the choice of allele frequencies and reference populations. The audience was provided with a concise overview of the current workflow of the database, followed by an explanation of how the For2-BioB project proposes to optimize these processes through workflows developed in work packages 1 through 3. The presentation aimed not only to inform attendees about historical developments and recent progress but also to raise awareness of ongoing opportunities for improvement and future challenges in this field.

- **“La loi à l’épreuve de la réforme : le phénotypage, la recherche familiale et le recours aux marqueurs de lignée”, par Pr. Jean-Marc HAUSMAN (CRID&P-GEPs, UCLouvain), Florence ROUSSEAU (Chercheuse au CRID&P, UCLouvain) & Marie MORANDINI, (Magistrate en formation et chercheuse au CRID&P, UCLouvain).**

Abstract: This presentation critically examines the main developments introduced by the new DNA Act of 7 March 2024, in particular the regulation of DNA phenotyping, family searching, and the use of lineage markers in criminal matters. It highlights the legislator’s choices, their scientific and legal foundations, as well as the new tensions they generate, notably with regard to fundamental rights.

- **“La loi à l’épreuve des pratiques: l’ADN forensique, une vérité façonnée par les contextes et les actrices”, par Dr. Margaux Coquet (INCC).**

Abstract: This presentation reports on data collected from those involved in the Belgian forensic process. In particular, it highlights the contingent nature of the collection, storage, analysis, comparison and use of DNA information, as well as the areas where the flow of information is vulnerable. Finally, the presentation highlights the strategies deployed by stakeholders, which mainly consist of attempting to control the circulation of information and influence the decisions of other members of the forensic chain.

5.2. External dissemination

5.2.1. Completed External dissemination

- **T. Dorné, “For2-BioB: Optimizing the Management of the Belgian DNA Databases. The importance of reference populations”, International Conference, “53rd ENFSI DNA Expert Working Group - DNA Database and Legislation Subgroup C”, organised by the Forensic genetics service of the Laboratoire National De Santé (LNS)”, Luxembourg, 6th - 9th May 2025.**

Abstract: The increasing reliance on statistical interpretation in forensic DNA analysis places reference populations at the core of reliable match evaluation. As demographic compositions evolve over time, the continued adequacy of established reference populations becomes a critical issue for both statistical accuracy and judicial robustness. In Belgium, the reference population currently in use was established in 2012, raising questions about its representativeness in light of subsequent migration trends and population changes.

Within this context, the work conducted in Work Package 3 explores the relevance and limitations of the existing Belgian reference population. A newly constructed reference population derived from the Belgian forensic DNA database is presented, and the extraction process is described with particular attention to the methodological choices made at each stage. Comparative analyses between the current and newly developed reference populations are discussed, highlighting both consistencies and population-specific differences with potential implications for forensic statistical calculations.

In addition, the NICC | INCC frequency calculator and the Rare Allele Finder tools are introduced as analytical instruments to explore differences in allele frequencies across populations. These tools illustrate how population-specific frequency variations can be identified and examined, including their potential use for ethno-geographical inference, while emphasising the necessity of careful validation and cautious interpretation within a forensic and legal framework.

- **T. Dorné, “For2-BioB: Optimizing the Management of the Belgian DNA Databases”, International Conference, “19th CODIS EU users conference”, organised by the Forensic genetics service of the Laboratoire National De Santé (LNS)”, Luxembourg, 6th - 9th May 2025.**

Abstract: As national DNA databases continue to expand and play an increasingly central role in criminal investigations, questions arise regarding the adequacy of the inclusion and comparison criteria that underpin their operation. Traditional locus-based workflows, while historically effective, may no longer fully capture the probative value of DNA profiles in large and complex databases, potentially affecting both efficiency and reliability.

Within this context, the work conducted in Work Packages 1 and 2 examines how inclusion and comparison practices can be refined through the application of statistically grounded measures. A simulated national DNA database was developed to allow systematic and controlled evaluation of alternative strategies. The construction of this simulated database is described, including the methodological choices guiding the generation of synthetic DNA profiles and the assumptions underlying the experimental design.

Using this framework, Random Match Probability (RMP) is explored as a potential inclusion criterion, while the Likelihood Ratio (LR) is assessed as a comparison criterion, offering an alternative to traditional marker-count-based approaches. Preliminary results suggest that a combined use of RMP and LR may contribute to optimising DNA database efficiency by improving profile selection and match interpretation, while reducing the inclusion of low-informative profiles. The findings highlight both the potential benefits and the remaining challenges associated with transitioning towards statistically driven workflows in national DNA databases.

- **T. Dorné, “For2-BioB: Optimizing the Management of the Belgian DNA Databases”, International Conference, “The European Academy of Forensic Science conference (EAFS). Reflections on Forensic Science: Looking back to look forward”, organised by Forensic Science Ireland (FSI), The European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) and EAFS 2025 Scientific Committee”, Dublin, Ireland, 26th - 30th May 2025.**

Abstract: With the continual growth of national DNA databases and their expanding role in criminal investigations, there is an increasing need to reassess the criteria used for including DNA profiles and comparing matches. The conventional locus-based workflows, while historically reliable, may not adequately reflect the true evidential value of DNA profiles in larger, more complex datasets. This limitation can impact both the efficiency and accuracy of database operations.

In response, Work Packages 1 and 2 focus on enhancing these workflows by introducing statistically based measures. A key step in this effort was the creation of a simulated national DNA database, designed to facilitate controlled and systematic testing of new inclusion and comparison strategies. The construction process involved generating synthetic DNA profiles guided by specific methodological decisions and assumptions.

Within this simulated environment, Random Match Probability (RMP) was investigated as a criterion for profile inclusion, while the Likelihood Ratio (LR) was explored as a more refined comparison method. Preliminary analyses suggest that integrating RMP with LR can optimize the database’s performance—improving the selection of informative profiles and the interpretation of matches, while reducing the risk of including low-informative profiles.

Overall, these findings highlight promising pathways for transitioning towards more statistically rigorous workflows, although challenges remain in implementing these approaches within operational forensic DNA databases.

- **M. Coquet, “Dealing with uncertainty in policing and law enforcement: The strategic (re)construction of knowledge between experts and judicial actors in the context of DNA forensics”, International Conference EUCRIM, European Society of Criminology, Athens, Greece, 5th September 2025.**

Abstract: Numerous studies have shown that scientific knowledge needs to be translated into a legal code if it is to be useful in the judicial field. This translation operation implies a reduction in the scientific complexity required to produce a binary response that can be incorporated into the legal

coding. In return, the judicial process is rationalized and stabilized by recourse to scientific discourse, which enjoys a singular discursive authority. Thus, representations of scientific knowledge play a key role in the way experts' conclusions are received: the use of expertise will depend on the credibility given to the scientific word, and therefore on the representations attached to this word, but also on the way it is communicated and understood. However, the reception of scientific information by the judicial or police authorities not only depends on factors relating to the expert but is also closely linked to their own immediate professional needs and interests. Building on these premises, our research is rooted in the epistemological problematization of the interplay between legal and scientific knowledge, which includes an analysis of the circulation of knowledge, the power relationships that this circulation implies or in which it is embedded, and the various actorial strategies that result from it, based on a specific question: how do police and judicial players deal with scientific uncertainty in the context of forensic DNA expertise?

- **M. Coquet, “The Use of AI in Forensic DNA Technologies: From Epistemological Tensions to Ethical Conundrums”, International Conference “Truth and Authority in Criminal Justice”, Maastricht University, The Netherlands, 23rd and 24th October 2025.**

Abstract: Forensic DNA Phenotyping (FDP) is an emerging forensic technology, currently used in many European and non-European States, including the Netherlands, often time without adapted legal regulation. Contrary to traditional DNA matching, FDP consists in inferring from the analysis of certain DNA markers in a sample belonging to an unknown donor, some of its probable phenotypic characteristics, such as hair, eye or skin color, age, or the biogeographical ancestry (sometimes legally referred to as “race”). The probability of possessing a particular trait is calculated using Machine learning models trained on genetic databases. Research is also undergoing to infer behavioral traits, such as alcoholism or mental illnesses. Although its use is tending to increase in Europe, FDP raises two epistemological tensions that I will explore in this contribution: 1) generating truthful results comes at a high cost in terms of data privacy and surveillance, since it requires that the training dataset would be representative of the global population: are we willing to pay that cost? If not, then should we accept the bias that will affect the results, and its particular effect on marginalized sub-population? 2) How the paradox of dealing with a “fact finding” tool that generates uncertainty, considering the black box effect, the “probable” result it produces, and the controversies behind its operative categories, such as “race”, will be solved by the actors of the field, and at what costs in terms of truth distortion and policing strategies?

- **M. Coquet, “The collection, analysis and uses of forensic DNA: an empirical analysis of actorial strategies in the Belgian context”, International Conference “Biodata, Surveillance and Society”, organised by the department of criminology and sociology of law of the Oslo university, Norway, 20th November 2025.**

Abstract: In March 2024, Belgium enacted a new law regarding DNA, which, among other provisions, legalized DNA phenotyping and familial research—practices that had previously been conducted in a legal gray area. The legislative process included recommendations from various human rights protection bodies, which were often overlooked or mistranslated in the law, leading to gaps in legislation and discrepancies between legal standards and their implementation in operational and/or judicial documents. In this context of evolving techniques and blurred regulatory frameworks, the paper explores the relationships and underlying rationales of the actors involved in the field,

emphasizing their objectives, the issues that mobilize them, the resources at their disposal, the constraints they encounter, and, ultimately, the strategies they deploy in their actions to achieve the goals they set for themselves. This research is based on qualitative empirical work conducted at the National Institute of Criminalistics and Criminology in Belgium, engaging with key actors of the field such as members of the police, lab technicians, experts of the National DNA database, investigative judges, prosecutors and solicitors. The aim of this contribution is to illuminate the strategic tensions surrounding Forensic DNA collection, analysis and use, along with their tangible effects on actors' practices, law enforcement and human rights.

5.2.2. Foreseen External dissemination

This report will be published on the websites of the research centres involved (NICC and CRID&P).

Reports specific to one or other party may also be distributed to specific stakeholders.

Dissemination activities may also be carried out based on the illustrations produced by Visual Garden as part of the research, targeting specific audiences such as policy makers or certain classes of actors in the field.

In addition, other proposals for presentations at conferences may be pursued (European Society of Criminology, International Association of French-speaking Criminologists, etc.).

6. PUBLICATIONS

6.1. Completed Publications

- **Hausman J., Morandini M. et Hugues S., “La loi ADN en pleine mutation : entre (r)évolution spontanée et altération des droits humains ?”, *Journal des Tribunaux*, février 2025, n°7011, pp. 89-99**

Abstract: This article analyses the main innovations introduced by the Act of 7 March 2024 on the use of DNA technology in criminal matters, examining both their legal foundations and their scientific implications. It also assesses the safeguards established by the legislator to limit interferences with human rights, which are placed under particular strain by this reform. Presented as a response to the “new realities” of forensic genetics and as a means of optimising the operational use of DNA databases, the reform nonetheless goes far beyond the stated objective of producing short-term results. Adopted within a compressed legislative timetable, it profoundly reshapes the framework established by the Act of 22 March 1999, which was historically centred on the identification of individuals through the comparison of non-coding DNA profiles. The Act now authorises, subject to specific conditions, the use of phenotyping, family searching and lineage markers, while significantly enhancing the capacity of DNA databases through the expansion of profile registration and the retention of biological samples, particularly in the context of combating sexual violence. The article highlights the scientific issues underlying these new techniques, the normative choices they entail, and the heightened tensions they generate with regard to the protection of fundamental rights.

6.2. Foreseen Publications

6.2.1. Linked to Pillar 1

- **Dorné T., Steuve S., Jeuniaux P., "Creating a simulated national DNA database allowing fast validation".**

Abstract: As part of Work Packages 1 and 2, a publication is currently in progress describing the development of a simulated DNA database designed to closely replicate the real forensic DNA database. This simulated database enables rapid and systematic analyses focused on evaluating the efficiency of the database by quantifying the number of adventitious matches—coincidental profile matches that do not reflect true relatedness. Such simulations allow for a thorough assessment and optimization of inclusion and comparison criteria, ultimately enhancing the reliability and effectiveness of the operational DNA database.

- **Dorné T., Steuve S., "Optimizing Forensic DNA Database Performance: Integrating Random Match Probability and Likelihood Ratio Approaches Using Simulated Data".**

Abstract: This publication presents findings from the Random Match Probability (RMP) and Likelihood Ratio (LR) analyses conducted within Work Packages 1 and 2. Using a simulated DNA database, the study evaluates the advantages of statistical methods over traditional locus-based workflows. It demonstrates how combining RMP and LR enhances both the accuracy and efficiency of DNA profile inclusion and comparison, providing strong support for adopting statistically robust approaches in forensic DNA database management.

6.2.2. Linked to Pillar 2

6.2.2.1. Linked to WP4

- **Hugues S., Morandini M., Rousseau F. et Hausman J., " L'échange interétatique automatisé de profils ADN : le règlement "PRÜM II" et la reconfiguration du cadre juridique belge » (See Document 4.1.1/2).**

Abstract: This article project, intended for submission to academic journals such as the *Revue de droit pénal et de criminologie* or *Panopticon*, analyses the reform of the Prüm framework (Prüm II) and its implications for the cross-border exchange of DNA profiles within the European Union. It examines how the extension of data categories, the integration of new technologies and the reconfiguration of governance mechanisms affect the balance between investigative efficiency, data protection and fundamental rights. Particular attention is paid to the way Belgium integrates these developments at national level, notably through the 2024 reform of its DNA legislation, and to the interaction between European interoperability requirements and domestic regulatory choices.

- **Morandini M., Hugues S., Rousseau F. et Hausman J., "Chapitre II - Standards supranationaux en matière de droits fondamentaux : Le Conseil de l'Europe et l'Union européenne", in Hausman J. (et alii?) (dir.), *Le recours à la technologie ADN en matière pénale : le cadre juridique applicable en Belgique*.**

Abstract: This chapter project (to be confirmed) examines the use of forensic DNA technologies in criminal matters through the lens of supranational fundamental rights protection. Focusing on the legal standards developed under European Union law and the European Convention on Human Rights, it analyses how rights such as respect for private life, the rights of the defence, the adversarial principle and the right to a fair trial operate as structuring constraints on investigative practices, including the collection, use, retention and procedural mobilisation of DNA data within forensic databases. This chapter forms an integral part of a broader volume, edited by Jean-Marc Hausman (*et alii* ?), which provides a systematic analysis of the Belgian positive law governing the use of forensic DNA technologies in criminal matters, including statutory provisions, regulatory instruments and relevant administrative circulars, and is intended for publication with Politeia or Anthémis (*See Document 4.1.1/1*).

- Hausman J., Hugues S., Morandini M. et Rousseau F., “Regulating Forensic DNA Technologies in Criminal Justice: A Comparative Analysis of Belgium, France, Switzerland and the Netherlands” / “La régulation des technologies ADN en matière pénale : analyse comparée de la Belgique, de la France, de la Suisse et des Pays-Bas”.

Abstract: This article project (to be confirmed), intended for submission to established academic journals in criminal law and comparative law—such as the *Revue de droit international et de droit comparé*, the *Revue de droit pénal et de criminologie* or *Panopticon*—offers a comparative legal analysis of the regulation of forensic DNA technologies in four legal systems: Belgium, France, Switzerland and the Netherlands. Focusing in particular on mass DNA screening, familial searching, forensic DNA phenotyping, lineage markers (including Y-STR) and biogeographical data derived from DNA analysis, the article examines how these systems articulate investigative objectives, legal safeguards and institutional controls, and highlights convergences and divergences in their respective approaches to risk, proportionality and legitimacy.

6.2.2.2. Linked to WP5

- Coquet M., Renard B., Du Faux J., “Uncertainties, room for manoeuvre and actor strategies in the production and uses of DNA expertise - An illustrated report ” / “Incertitudes, marges de manoeuvre et stratégies actérielles dans la production et les usages de l'expertise ADN - Un rapport illustré ”

Abstract: This publication will detail the three areas of focus summarised in this report (internal constraints, external constraints and stakeholder strategies) in a format corresponding to the NICC research report. This report will be finalised in collaboration with Judith Du Faux from Visual Garden and will therefore include educational and entertaining illustrations to ensure a better understanding of the issues raised by the research.

- Coquet M., Renard B., “Forensic DNA in context: a relational approach to biological evidence” / “L'ADN forensique en contexte : une approche relationniste de la preuve biologique” .

Abstract: This publication (to be confirmed) will be the subject of an article in the special issue of the journal *Droit, Sciences et Techniques*. The aim of this contribution is to illuminate the strategic tensions surrounding forensic DNA collection, analysis and use, along with their tangible effects on actors'

practices, law enforcement and human rights. More specifically, the objective will be to highlight the variations, uncertainties and areas of ambiguity that punctuate the forensic DNA process. The publication will also highlight the important role played by the subjectivity of those involved, their room for manoeuvre and the strategies they deploy around or based on forensic DNA. The forensic process is contingent, co-constitutive and reflexive, shaped by contexts and actors.

- **Coquet M., “The Use of AI in Forensic DNA Technologies: From Epistemological Tensions to Ethical Conundrums”, Proceedings of the “Truth and Authority in Criminal Justice” Conference, Contribution to an edited volume.**

Abstract: This contribution (to be confirmed) will be the subject of chapter in an edited volume of the proceedings of the conference held in Maastricht, on the 23rd and 24th October. Subject to acceptance of the contribution, the submission of the final revised version is set for the 15th December 2026. The contribution will follow the same questioning and lines of arguments as those, aforementioned, developed during the oral presentation. (See. 5.2.1.).

7. ACKNOWLEDGEMENTS

The For2-BioB research team would like to thank Georges Jamart and the administrative pool from BELSPO for managing and providing follow up to the project.

The research team would like to thank the Follow-up Committee for their valuable input during the different stages of this project.

The research team is thankful to all organisations that helped by granting access to the necessary data, and want to thank all the participants of the interviews and group analysis focus group discussions, as well as the researchers who help organize them.

Thanks also to everyone who contributed to the organisation and success of the promotion day on 27th November 2025, especially the speakers and interpreters.

The research team expresses its gratitude to all the administrative departments at INCC and UCLouvain, and especially to Maria Larranaga Bra and Véronique Wauthier from the NICC, and Julie Patesson from UCLouvain, for their administrative support.

Special thanks to Rani Bens to perform the validation of the NICC|INCC Frequency Calculator, to Patrick Jeuniaux for his help during the project, and of course to Laurent Khöler for his decisive contribution to drafting the project.

A particular thanks to Judith Du Faux (Visual Garden) for the fascinating experience of her illustrations, which stimulated and fuelled our reflections (a true co-construction) throughout the project.

ANNEXES

Table des matières des annexes

Work package 4

Rapport général WP 4 (intermédiaire)

<i>Document 4.0/1 « Rapport annuel 2024 de l'état d'avancement des WP 4 & 5 »</i>	3

Tâche 4.1 : Analyse juridique internationale

<i>Document 4.1.1/1 « Note de synthèse sur les invariants juridiques internationaux » (extrait - projet de publication)</i>	13
<i>Document 4.1.1/2 « Note de synthèse sur les invariants juridiques du cadre « PRÜM » » (extrait - projet de publication)</i>	16
<i>Document 4.1.1/3 « Rapport de synthèse des tâches sur l'analyse juridique internationale »</i>	21

Tâche 4.2 : Analyse du droit applicable dans l'ordre juridique belge

<i>Document 4.2.1/1 « État du droit belge sur l'utilisation de l'ADN en matière pénale »</i>	25
<i>Document 4.2.1/2 « Article du JT sur l'évolution du cadre juridique belge »</i>	42
<i>Document 4.2.1/3 « Avis sur l'avant-projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale. »</i>	67
<i>Document 4.2.1/4 « Note sur la distinction entre ADN codant et non-codant »</i>	74
<i>Document 4.2.1/5 « Note sur Le recoupement des profils génétiques obtenus avec d'autres bases de données (banque de données privées, généalogie récréative) »</i>	88
<i>Document 4.2.1/6 « Note sur l'exploitation de l'ADN aux d'établissement de liens familiaux »</i>	98
<i>Document 4.2.1/7 « Note sur la déduction d'origines ethno-géographiques à partir des marqueurs génétiques STR »</i>	108
<i>Document 4.2.1/8 « Rapport de synthèse des tâches sur le droit applicable dans l'ordre juridique belge »</i>	117
<i>Document 4.2.2/1 « Rapport d'observation sur les entretiens » (extrait - protection de la vie privée et familiale)</i>	123

Tâche 4.3 : Analyse du droit comparé

Document 4.3.1/1 « Note sur le choix des systèmes juridiques sélectionnés (résultat de l'approche transversale) » **124**

Document 4.3.2/1 « Note de droit comparé » **137**

Document 4.3.2/2 « Tableau de droit comparé » **155**

Tâche 4.4 : Réalisation de scénarios conjoncturels

Document 4.4.2/2 « Support visuel relatif aux scénarios » **181**

Document 4.4.2/1 « Instrument de mise en scénarios » **210**

Poster de recherche

Poster - XVIII^e Colloque de l'Association internationale des criminologues de langue Française (AICFL, Liège, 2024) et Congrès de l'European Academy of Forensic Science (EAFS, Dublin, 2025) **253**

Conférence de dissémination du 27 novembre 2025

Programme - Conférence du 27 novembre 2025 **254**

Travail de visualisation (Judith Du Faux) - Conférence du 27 novembre 2025 **265**

Liste des figures et des tableaux

List of figures and tables **276**

FOR2-BIOB

Rapport annuel 2024 de l'état d'avancement des WP 4 & 5

Table des matières

Introduction	2
I. Objectifs des WP 4 & 5.....	2
II. Eléments conjoncturels impactant les WP4 & 5	3
A. Convergence des WP 4 & WP5	3
B. Elaboration et adoption de la loi ADN du 7 mars 2024	3
C. Changements au niveau du personnel.....	4
III. Etat des lieux des WP 4 & 5 et perspectives	4
A. Echéances initialement fixées pour la recherche	4
B. Prestations réalisées dans le cadre de la recherche	5
C. Prochaines étapes de la recherche	7
IV. Annexes	8
A. Note de synthèse sur les “invariants juridiques” dans le cadre de la convention de Prüm	8
B. Note de synthèse de droit comparé	9
C. Article scientifique sur la loi du 7 mars 2024 soumis à la revue <i>Journal des Tribunaux</i>	10

Introduction

Le présent document offre une vue d'ensemble du travail déjà réalisé et des prochaines étapes du projet.

Il débute par un résumé des objectifs des WP 4 & 5, en précisant les enjeux principaux de la recherche et les axes y associés (I). Suit une présentation des éléments conjoncturels influençant la recherche, notamment la convergence des WP 4 & 5 au niveau de la démarche de recherche, la réforme de la loi ADN, ainsi que les changements à venir au sein de l'équipe (II). Vient ensuite une énumération des tâches accomplies dans ces WP ainsi qu'un exposé des lignes directrices des prochaines étapes de la recherche (III). Enfin, une présentation des trois documents annexés au présent rapport est proposée (IV). Sélectionnés pour illustrer différents aspects du travail réalisé, ces textes sont représentatifs de l'ensemble de l'activité de recherche menée dans le cadre du projet.

I. Objectifs des WP 4 & 5

Ce projet s'inscrit dans une démarche interdisciplinaire, impliquant la collaboration étroite de chercheurs issus de différents domaines, à savoir des juristes, des criminologues et des experts en sciences forensiques, engagés par l'UCLouvain ou l'INCC.

La recherche porte sur l'optimisation de l'utilisation des banques de données ADN dans le cadre pénal ainsi que des technologies qui leur sont associées. Pour ce faire, elle intègre les dimensions organisationnelles et techniques ainsi que des aspects éthiques et juridiques.

Depuis 1999, la Belgique dispose d'une réglementation établissant notamment des banques de données génétiques en vue de permettre l'identification de personnes et d'établir des liens entre différents dossiers dans le domaine de la justice pénale. L'évolution constante des techniques d'analyse ADN impacte directement les outils utilisés à cet effet, un facteur pris en compte dès la conception du projet.

Cette recherche vise notamment à alimenter la réflexion du législateur sur une éventuelle réforme des règles juridiques encadrant l'utilisation de ces banques de données ADN en matière pénale. Une loi du 7 mars 2024 *modifiant le code d'instruction criminelle, la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et la loi du 5 août 1992 sur la fonction de police* (ci-après « Loi du 7 mars 2024 ») a été adoptée. Elle réforme en profondeur les règles applicables en la matière ce dont nous avons tenu compte dans le cadre de nos travaux de recherche. Le texte promulgué est par ailleurs critiquable sur certains points et pourrait être amené à évoluer, possiblement à court terme, en raison des avancées scientifiques, des choix politiques ou, encore, des moyens à disposition des acteurs de la justice pénale.

Ce projet se découpe en plusieurs volets, l'équipe de l'UCLouvain se concentrant sur le deuxième pilier, couvrant les WP 4 & 5. Ce pilier inclut la détermination du matériel biologique utilisable dans le cadre des analyses ADN en matière pénale ainsi que l'examen des pratiques des acteurs concernés. Cela suppose une analyse des mécanismes actuels de régulation ainsi que de ceux qui pourraient être mis en place, avec une attention plus particulière pour les questions éthiques et juridiques.

L'objectif du WP 4 est de déterminer quel matériel biologique peut être légalement utilisé pour l'analyse ADN en matière pénale et quel type d'information son exploitation peut fournir. Face au développement des technologies, la légalité de certaines pratiques pose question ce qui place les acteurs de terrain dans une situation d'incertitude quant à leur possibilité d'y recourir. Nos travaux portent ainsi notamment sur l'utilisation potentielle de deux types de matériel génétique : l'ADN codant et l'ADN non codant. Dans le même temps, l'utilisation de certaines technologies permet d'obtenir des informations sur les caractères phénotypiques des individus concernés par les enquêtes pénales. Sont notamment

étudiées les possibilités d'association de certains marqueurs génétiques à des populations d'une certaine origine ethno-géographique, afin de déterminer des caractéristiques des personnes concernées. La question de l'établissement de liens de parenté entre profils génétiques est également envisagée. Le recoupement des profils génétiques avec d'autres banques de données, telles que les bases de données généalogiques dites « récréatives », est une autre question abordée.

Le WP 5 s'attache aux relations entre les différents acteurs concernés, directement ou indirectement, par l'utilisation des banques de données ADN et les pratiques y associées. A cet effet, la recherche est divisée en trois temps, débutant par une étude du droit positif. Puis une étude de droit comparé est prévue afin de tenir compte de l'utilisation différente faite des banques de données ADN, tant en termes juridiques que pratiques. Enfin, le projet de recherche prévoit la réalisation d'une analyse stratégique auprès des acteurs de terrain, sur le modèle de la théorie développée par Crozier et Freidberg (1977).

Les WP 4 & 5 se divisent chacun en deux composantes, "α" et "β" : la composante "α" approfondit les mécanismes de régulation en place, particulièrement les aspects juridiques, tandis que la composante "β" anticipe l'évolution du cadre normatif et ses effets sur les pratiques des acteurs concernés, et ce par l'élaboration de scénarios.

II. Eléments conjoncturels impactant les WP4 & 5

A. Convergence des WP 4 & WP5

L'analyse des règles applicables en droit interne est réalisée tant au niveau du WP 4 que du WP 5 (cfr. 4.2 "Ordre juridique belge" et 5.1 "Ordre juridique belge"). Ces tâches se recoupent et, si elles se déclinent différemment, aboutissent à une convergence des démarches de recherche à entreprendre pour les réaliser. Il en va de même pour les analyses de droit comparé (4.3 « Analyse de droit comparé » et 5.3 « Analyse de droit comparé »). Ainsi, tant pour l'analyse des règles applicables en droit interne que pour l'étude du droit comparé, les travaux de recherche déjà réalisés dans le cadre du WP 4 dépassent les limites imparties aux différents WP, de sorte que les fruits de ceux-ci pourront être utilement exploités dans le cadre du WP 5. Enfin, la réalisation de scénarios de réforme législative a été initiée dans le cadre du WP.4 (4.4) et sera poursuivie par une validation de ceux-ci dans le WP.5 (5.5).

B. Elaboration et adoption de la loi ADN du 7 mars 2024

Un changement majeur des règles applicables en droit interne est intervenu suite à l'adoption de la loi du 7 mars 2024.

Cette nouvelle loi réforme en effet en profondeur la législation applicable en la matière, notamment en autorisant sous certaines conditions le recours à de nouvelles techniques telles que celles du phénotypage, de la recherche familiale et du recours aux marqueurs de lignée. Parallèlement, le législateur adopte des mesures qui visent notamment à renforcer la prévention et la lutte contre les violences sexuelles, ont pour objectif d'exploiter davantage le potentiel des banques de données ADN, entre autres via l'enregistrement des profils ADN et la conservation des échantillons biologiques.

L'équipe de l'UCLouvain a été associée au processus législatif. Elle a été amenée à rendre un avis au Ministre de la Justice. Par ailleurs, l'équipe a soumis pour publication un article en lien avec la nouvelle législation. Celui-ci vise à exposer les grandes lignes de la réforme, en réservant une attention particulière aux garanties mises en place par le législateur pour limiter les atteintes aux droits humains, mis particulièrement sous tension. L'article d'une vingtaine de pages (25) a été soumis au *Journal des Tribunaux*, la première revue juridique généraliste en Belgique francophone.

C. Changements au niveau du personnel

La composition actuelle de l'équipe travaillant sur les WP 4 & 5 est constituée de deux chercheuses au CRID&P (Centre de recherche interdisciplinaire sur la déviance et la pénalité) de l'UCLouvain, à savoir Marie MORANDINI, engagée à 25 % au sein du projet F2BB, et Sarah HUGUES, y participant à hauteur de 45%, sous la direction de Jean-Marc HAUSMAN.

Cette équipe travaille en étroite collaboration avec celle constituée au niveau de l'INCC, l'ensemble de la recherche étant réalisée sous la coordination de Bertrand RENARD.

L'équipe scientifique va très prochainement évoluer en raison du départ de Sarah HUGUES, qui a réussi le concours d'entrée à l'école de la magistrature en France.

La question se pose de la reprise du contrat de Sarah HUGUES par Marie MORANDINI, en tout ou partie, ainsi que de l'engagement éventuel d'un autre chercheur.

Cette situation a des incidences sur la poursuite des recherches entreprises.

III. Etat des lieux des WP 4 & 5 et perspectives

A. Echéances initialement fixées pour la recherche

Chacun de ces deux WP sont composés de tâches, lesquelles sont énumérées ci-après.

WP 4 Optimisation du recours à l'ADN en matière pénale : Analyse descriptive et prospective de l'encadrement juridique des méthodes et techniques.	WP5 Optimisation du recours à l'ADN en matière pénale : Analyse des relations entre les acteurs de terrain et de leurs pratiques respectives.
<u>Tâche 4.1 : « Invariants juridiques » [mois 1 – 2]</u> Rapport de synthèse [4.1.1]	<u>Tâche 5.1 : Ordre juridique belge - Phase 2 : Acteurs et pratiques [mois 11 – 12]</u> Rapport de synthèse [5.1.1]
<u>Tâche 4.2 : Ordre juridique belge - Phase 1 : Méthodes et techniques [mois 3 – 4]</u> Rapport de synthèse [4.2.1] Rapport d'observation [4.2.2]	<u>Tâche 5.2 : Analyse stratégique du « terrain » [mois 12 – 19]</u> Note de synthèse sur le cadre théorique [5.2.1] Guide des entretiens semi-directifs [5.2.2] Rapport d'observation portant sur les entretiens [5.2.3] Rapport d'observation portant sur les <i>focus groups</i> [5.2.4]
<u>Tâche 4.3 : Droit comparé – Phase 1 : Méthodes et techniques [mois 4 – 8]</u> Rapport succinct : Approche transversale [4.3.1] Notes de synthèse : Ordres juridiques sélectionnés [4.3.2] Publication scientifique [4.3.3] sur la base de [4.3.2]	<u>Tâche 5.4 : Synthèse des analyses stratégique et juridique [mois 24 – 27]</u> Rapport de conclusion sur les pratiques de terrain et les relations entre acteurs [5.4.1] Rapport préparatoire exposant les projets de « scénarios » [5.4.2]
<u>Tâche 4.4 : « Scénarios » de régulation [mois 5 – 10]</u> Rapport de conclusion : Droit applicable [4.4.1]	<u>Tâche 5.5 : Validation des « scénarios » de régulation [mois 28 – 30]</u> « Scénarios » & note explicative détaillées [5.5.1]

« Scénarios » & note explicative détaillée [4.4.2] Publication scientifique [4.4.3] sur la base de [4.4.1] & [4.4.2]	Publication scientifique [5.5.2] sur la base de [5.5.1]

B. Prestations réalisées dans le cadre de la recherche

Tâche 4.1 : « Invariants juridiques » [mois 1 – 2]

Prestations réalisées :

- Note de synthèse sur les “invariants juridiques” sous le prisme de la jurisprudence de la Cour de justice de l’Union européenne et la Cour européenne des droits de l’homme (21 pages)
- Note de synthèse sur les “invariants juridiques” du cadre Prüm (27 pages)

Cette note de synthèse (annexe A) présente une analyse du cadre Prüm. Ce dernier fixe, pour partie, les limites dans lesquelles est susceptible d’évoluer la législation belge en matière d’échange d’informations génétiques. Avec l’entrée en vigueur du cadre Prüm II, cette analyse s’avère d’autant plus nécessaire . Elle vise ainsi à éclairer sur implications de ces nouvelles dispositions pour la Belgique, en offrant un aperçu actualisé des contraintes et des opportunités d’adaptation législative dans ce cadre international en mouvement.

Tâche 4.2 : Ordre juridique belge - Phase 1 : Méthodes et techniques [mois 3 – 4]

4.2.2 Rapport d’observation sur les entretiens menés - terminé (9 pages)

Autres prestations préalables au point [4.2.2] :

- ***En ce qui concerne les notes de synthèse :***
 - Note de synthèse faisant état du droit belge sur l’utilisation de l’ADN en matière pénale (15 pages)
 - Note de synthèse sur le contenu de la nouvelle loi ADN du 7 mars 2024 (6 pages)
 - Notes de synthèse sur les quatre questions particulières sélectionnées pour les entretiens :
 - La distinction entre les séquences codantes et non codantes de l’ADN dans le cadre de leur utilisation en matière pénale en Belgique (12 pages)
 - L’exploitation de l’ADN aux fins d’établissement de liens familiaux en matière pénale en Belgique (9 pages)
 - Le recoupement des profils génétiques obtenus avec d’autres bases de données (banque de données privées, généalogie récréative) (7 pages)

- L'association des marqueurs génétiques STR à certaines populations d'origine ethno géographique permettant la déduction, avec une probabilité plus ou moins grande, diverses caractéristiques des personnes concernées (9 pages)
- **Réalisation de différentes cartes actorielles**
- **Quant aux entretiens :**
 - Réalisation d'un guide d'entretien préalable
 - Entretiens de validation sur les conclusions tirées de l'étude des quatre questions particulières (3 acteurs scientifiques et 3 acteurs généraux)
 - Retranscription des entretiens (Notes relatives aux entretiens généraux : 18 pages / Notes relatives aux entretiens avec les scientifiques : 13 pages)
- **Autres prestations :**
 - Avis à l'attention du Ministre de la justice sur l'avant-projet de loi portant sur le recours aux technologies ADN en matière pénale (7 pages)
 - Article scientifique sur la loi du 7 mars 2024 (25 pages, soumis pour publication au *Journal des Tribunaux*) (annexe C),

Nous avons soumis, le 17 octobre dernier, un article à la revue *Journal des Tribunaux* portant sur la loi du 7 mars 2024, qui modifie en profondeur le cadre législatif concernant l'utilisation des technologies ADN en matière pénale. Cette réforme élargit les possibilités d'expertise ADN, un domaine ayant considérablement évolué ces vingt dernières années. Sa thématique touche au cœur de notre projet de recherche, d'autant que les changements introduits par la loi correspondent aux quatre questions particulières développées dans le cadre du WP 4. L'article présente ces évolutions, explicite leur encadrement en droit belge et pose un avis critique sur ce nouveau dispositif juridique. Il met par ailleurs en lumière la précipitation dans laquelle le processus législatif a été mené, aboutissant à des imprécisions et à de nombreux renvois entre dispositions, impactant la qualité du texte. Surtout, il montre en quoi cette célérité du processus législatif s'est faite au détriment d'une réflexion approfondie sur les enjeux éthiques et juridiques, notamment quant au respect des droits fondamentaux. Il est à noter que bien que d'ampleur, cette réforme porte sur une matière qui est appelée à encore évoluer, que ce soit en raison des avancées scientifiques, des choix politiques ou, encore, des moyens à disposition des acteurs de la justice pénale. Le cadre qu'elle pose connaît donc encore des changements à moyen ou à long terme, notre projet de recherche s'inscrivant plus largement dans ces éventuelles évolutions futures.

Tâches 4.3 et 5.1 : Droit comparé – Phase 1 : Méthodes et techniques [mois 4 – 8]

4.3.1 Rapport succinct : Approche transversale - terminé (10 pages)

Autres prestations préalables au point [4.3.1] :

- Etude du cadre normatif de 8 pays
- Elaboration d'un tableau synthétique illustrant les tendances normatives de ces pays

4.3.2 Note de synthèse : Ordres juridiques sélectionnés - terminé (16 pages)

Cette note, reprise en annexe (annexe B), illustre une partie du travail accompli. Elle fait état de l'actualité du sujet traité à travers les quatre thématiques sélectionnées et explorées lors des entretiens réalisés (tâches 4.2). L'étude du cadre normatif de ces thématiques dans les trois pays choisis, à savoir la Suisse, la France et les Pays-Bas, s'avère d'autant plus pertinente que ces questions sont au cœur de la réforme de la loi ADN du 7 mars 2024 en Belgique.

Tâche 4.4 : « Scénarios » de régulation [mois 5 – 10]

4.4.2 « Scénarios » & note explicative détaillée - en cours

Autres prestations préalables au point 4.4.2 :

- Elaboration de plusieurs scénarios
- Illustration dynamique de ces scénarios - en cours
- Travail réalisé avec Madame du FAUX pour élaborer un canevas afin de présenter les scénarios de réforme législative de manière pédagogique et compréhensible

C. Prochaines étapes de la recherche

Concernant le WP4, celui-ci est presque terminé. Nous devons finaliser les scénarios pour lesquels le mode d'illustration est travaillé de concert avec Madame du FAUX.

Les différents rapports de synthèse (tâches 4.1.1, 5.1.1, 4.2.1, 4.4.1) seront réalisés dans un second temps. Un chercheur senior sera en effet engagé prochainement avec notamment pour mission de nous aider à harmoniser l'ensemble des notes déjà rédigées. Le support final de l'ensemble de ces travaux sera décidé ultérieurement. Il est plus que vraisemblable que ces rapports fassent l'objet d'une ou plusieurs publications.

Quant au WP5 il est déjà bien entamé. Notamment la convergence avec le WP4 au niveau de la démarche de recherche nous a permis de progresser, de manière concomitante, sur l'analyse des règles applicables en droit interne et celle de droit comparé.

Nous sommes actuellement attelés à la rédaction d'un guide d'entretien semi-directif (5.2.2) rédigé à l'aune de la théorie de l'acteur stratégique (M. Crozier et E. Friedberg) et terminons de baliser le cadre théorique (5.2.1). Ces différentes tâches seront terminées dans les prochaines semaines. De manière concomitante, nous sélectionnons déjà les différents profils d'acteurs qui viendront agrandir notre échantillon d'étude. En effet, les entretiens semi-directifs déjà réalisés ne se limitaient pas aux seuls aspects du WP4 et font partie intégrante de l'échantillon ci-avant.

Pour le surplus, les différentes tâches du WP5 ainsi que leurs échéances sont reprises ci-après :

- Tâche 5.2 : Analyse stratégique du « terrain » [mois 12 – 19]
 - Note de synthèse sur le cadre théorique [5.2.1] - *en cours*
 - Guide des entretiens semi-directifs [5.2.2] - *en cours*
 - Rapport d'observation portant sur les entretiens [5.2.3]

- Rapport d'observation portant sur les focus groups [5.2.4]
- Tâche 5.4 : Synthèse des analyses stratégique et juridique [mois 24 – 27]
 - Rapport de conclusion sur les pratiques de terrain et les relations entre acteurs [5.4.1]
 - Rapport préparatoire exposant les projets de « scénarios » [5.4.2]
- Tâche 5.5 : Validation des « scénarios » de régulation [mois 28 – 30]
 - « Scénarios » & note explicative détaillées [5.5.1]
 - Publication scientifique [5.5.2] sur la base de [5.5.1]

IV. Annexes

A. Note de synthèse sur les “invariants juridiques” dans le cadre de la convention de Prüm

La présente annexe du rapport intermédiaire n'est pas reproduite ici.

B. Note de synthèse de droit comparé

La présente annexe du rapport intermédiaire n'est pas reproduite ici.

C. Article scientifique sur la loi du 7 mars 2024 soumis à la revue *Journal des Tribunaux*

La présente annexe du rapport intermédiaire n'est pas reproduite ici.

Note de synthèse sur les invariants juridiques internationaux

Table des matières

Introduction	2
I. Les instruments internationaux	3
A. Le Conseil de l'Europe	3
B. L'Union européenne	4
II. L'utilisation d'échantillon cellulaire et les droits fondamentaux	6
A. Le droit à l'intégrité	6
B. Le droit au procès équitable	7
B.1 L'administration de la preuve	8
B.2 Le droit au silence	10
B.3 La présomption d'innocence	10
C. Le droit à la vie privée	11
C.1. Collecte des échantillons	13
C.2 La conservation des échantillons	15
D. L'interdiction de discrimination	17
E. Pas de peine sans loi	18
Conclusion	18
Bibliographie	19

« Lorsqu'elle est mise au service de la répression pénale, l'évolution technologique se révèle aussi fascinante que menaçante à l'égard des droits fondamentaux »¹.

Introduction

0010.

La perspective de la présente contribution est d'optimiser le recours aux banques de données ADN en matière pénale et aux technologies y associées en droit national.

Les méthodes scientifiques relatives à l'analyse, l'exploitation et l'utilisation de l'ADN sont en constante évolution. Tout développement soit-il se heurte à des limites tant intrinsèques qu'extrinsèques. Dès l'avènement de l'exploitation de l'ADN en criminalistique, s'est posée la question de son impact et de sa compatibilité avec les droits fondamentaux dont principalement le droit à la vie privée, à l'intégrité physique et les droits de la défense. Il en est d'autant plus ainsi qu'au fil des ans et des évolutions, les preuves génétiques sont devenues essentielles pour les enquêtes criminelles².

Au gré du développement des nouvelles technologies, l'ADN s'est vu offrir une place de choix incontournable dans les enquêtes pénales étant brandi tant comme mode de renseignement que comme élément de preuve. Des bases de données ont été créées assorties de lois balisant l'utilisation des preuves médico-légales. Jouissant du degré d'objectivité propre à la science, d'aucuns estiment que seul l'ADN permet la découverte de « la » vérité³, identifiant à la foi le coupable tout en protégeant l'innocent⁴. Ainsi, l'ADN est devenu la « reine des preuves » jouissant d'une place déterminante dans les enquêtes pénales⁵.

La preuve par ADN se voit donc octroyer une valeur probante élevée. Cette force de persuasion suscite de vives préoccupations relatives à la violation des droits fondamentaux. Ceci d'autant que l'utilisation d'échantillons biologiques en matière pénale menace les droits fondamentaux lors de son prélèvement, de son analyse, de son exploitation dans une base de données et aussi lors de sa transmission à un autre pays. L'exploitation de l'ADN remet en cause les droits fondamentaux tant durant la phase d'enquête que celle postérieure au procès. Les législations internationales reconnaissent des limitations à ces droits fondamentaux, pour autant qu'elles soient légitimes et proportionnées. Ces limites ne jouissent pas d'une définition législative mais s'apprécient au gré de la jurisprudence. Elles sont d'ailleurs sujettes à modification au rythme des évolutions techniques qui empiètent et menacent davantage les libertés individuelles.

Tout Etat de droit se doit de faire respecter des normes minimales de sécurité et d'égalité allant de pair avec la consécration d'un juste équilibre entre le pouvoir de l'État et la liberté

¹ Conclusions de l'avocat général M. GIOVANNI PITRUZZELLA présentées le 30 juin 2022, affaire C205/21, V.S./ Ministerstvo na vatreshnite raboti, Glavna direktsia za borba s organiziranata prestapnost.

² T. OOSTHUIZEN et L. HOWES, « *The development of forensic DNA analysis : New debates on the issue of fundamental human rights* », *Forensic Science International : Genetics*, 2022/56, 102606, p. 1.

³ M.-A. GRIMAUD, « Les enjeux de la recevabilité de la preuve par ADN dans le système pénal canadien », R.D.U.S., 1994, p. 294.

⁴ *Ibid.*, p. 15.

⁵ H. SOLETO MUNOZ et A. FIODOROVA, « *DNA and Law Enforcement in the European Union Tools and Human Rights Protection* », vol. 10, janvier 2014, p. 149.

individuelle, droit fondamental⁶. Les intérêts collectifs sous l'aspect de la prévention des infractions sont brandis pour justifier le recours à l'utilisation de l'analyse génétique en criminalistique empiétant davantage au rythme des évolutions technologiques sur les libertés individuelles. Or, les intérêts collectifs ne peuvent restreindre les intérêts individuels sans une mise en balance préalable de ces intérêts⁷. La conservation de l'ADN par l'Etat, outil d'enquête criminelle inestimable pour prévenir les infractions, justifie-t-il une conservation indéterminée et systématique dans des bases de données spécifique au mépris du droit fondamental garantissant le respect à la vie privée ?

Une telle question ne peut être tranchée de manière dichotomique, ceci d'autant qu'elle est sujette à évolution. Il en va de même concernant le point d'équilibre entre le but poursuivi de la recherche de la vérité sur les valeurs fondamentales de l'individu. Cela étant, au fil des ans, certains impératifs primant davantage sur certaines libertés fondamentales ont pu se dégager. Il convient de les définir car ils balisent scientifiquement le champ des évolutions du cadre juridique en vigueur actuellement relatif à l'optimisation des banques de données ADN en matière pénale.

Pour ce faire, la présente contribution se limitera à une étude préalable des instruments internationaux consacrant les droits de l'homme et de libertés fondamentales, cadre à toute évolution. Une attention particulière sera accordée à l'interprétation de la Convention européenne des droits de l'homme par la jurisprudence de la Cour européenne mais celle de la Cour de Justice de l'Union européenne.

I. Les instruments internationaux

**Document intégré dans un processus de publication
Accessible sur demande à l'adresse de courrier électronique
suivante :**

jean-marc.hausman@uclouvain.be

⁶ T. OOSTHUIZEN et L. HOWES, *op. cit.*, p. 1.

⁷ S. LE BRIS, « Odyssée au cœur des empreintes génétiques » in *L'analyse génétique à des fins de preuve et les droits de l'homme (aspects médico-scientifique, éthique et juridique)*, (sous la dir. de C. HENNEAU-HUBLET et B. KNOPPERS), Bruxelles, Bruylant, 1997.

Note de synthèse sur les « invariants juridiques » du cadre Prüm

(version du 7 août 2023)

Table des matières

INTRODUCTION	2
PARTIE I. L'HISTORIQUE ET LA GENESE DU CADRE PRÜM	3
A. L'historique du cadre Prüm.....	3
B. La genèse du cadre Prüm	Erreur ! Signet non défini.
PARTIE II. LE CADRE JURIDIQUE DE L'ECHANGE AUTOMATISE DE DONNEES ADN SOUS LE PRISME DU MECANISME PRÜM... ERREUR ! SIGNET NON DEFINI.	
A. Le cadre juridique de l'échange automatisé de données ADN posés par les décisions Prüm	Erreur ! Signet non défini.
Signet non défini.	
A.1. Les règles générales des décisions Prüm	Erreur ! Signet non défini.
A.2. Les prérequis imposés aux Etats pour la mise en œuvre des décisions Prüm...	Erreur ! Signet non défini.
A.3. Les caractéristiques des données relatives aux profils ADN transmises dans le cadre des décisions Prüm	Erreur ! Signet non défini.
A.4. La procédure relative à l'échange des données ADN	Erreur ! Signet non défini.
A.5. Le prélèvement de matériel génétique et la transmission de profil ADN concernant une personne déterminée	Erreur ! Signet non défini.
B. La réforme opérée par le règlement Prüm II.....	Erreur ! Signet non défini.
B.1. Sur la finalité des échanges des données liées aux profils ADN entre Etats membres .	Erreur ! Signet non défini.
B.2. L'architecture du règlement Prüm II	Erreur ! Signet non défini.
B.3. La procédure post-correspondance	Erreur ! Signet non défini.
B.4. L'intégration d'Europol dans le système Prüm	Erreur ! Signet non défini.
B.5. L'élargissement des catégories de données et l'harmonisation de l'utilisation du système Prüm pour rechercher des personnes disparues et des restes humains non identifiés	Erreur ! Signet non défini.
B.6. Les caractéristiques des données relatives aux profils ADN transmises suivant la le règlement Prüm II	Erreur ! Signet non défini.
B.7. La mise en conformité du cadre Prüm en matière de protection des données personnelles	Erreur ! Signet non défini.
B.8. L'interopérabilité du mécanisme Prüm avec les autres systèmes d'information de l'Union européenne	Erreur ! Signet non défini.

INTRODUCTION

1.001. L'objet de la présente recherche vise à optimiser le recours aux banques de données ADN en matière pénale et aux technologies qui lui sont associées, tant sur les plans organisationnel et technique qu'au niveau de la réglementation et de sa mise en œuvre. Dans cette perspective, il y a lieu d'identifier le matériel biologique utilisable, mais également de déterminer le type d'informations qui lui sont associées et peuvent être versées dans les banques de données ADN. Cela ne peut se faire sans un état des lieux de la législation applicable, tant sur le plan international que national¹.

1.002. Pour ce qui est des instruments internationaux, il convient de s'intéresser aux instruments existant dans le cadre européen, qu'il s'agisse de ceux consacrant les droits de l'homme et les libertés fondamentales ou de ceux organisant l'échange d'informations juridiques dans le cadre de la coopération interétatique.

1.003. Au niveau des instruments européens, il nous appartient de nous référer tout d'abord à la Convention de sauvegarde des droits de l'homme et des libertés fondamentales dont le respect de la mise en œuvre est assuré par la Cour européenne des droits de l'Homme dans les quarante-six États membres du Conseil de l'Europe.

1.004. Concernant les instruments qui organisent l'échange d'informations juridiques à la faveur de la coopération interétatique au sein de l'Union européenne, il s'agira principalement de ceux relatifs au cadre Prüm, lequel cadre permet aux services répressifs des États membres de l'Union européenne d'échanger des informations et notamment celles liées aux profils ADN.

1.005. Ces instruments posent, dans leur ensemble, un certain nombre de règles hiérarchiquement supérieures qui constitueront un cadre pour la présente recherche. La définition de ce cadre permettra d'envisager par la suite une analyse juridique comparative en matière de recours aux banques de données ADN en matière pénale au niveau international.

En ce qui concerne les instruments organisant l'échange d'informations juridiques dans le cadre de la coopération interétatique au sein de l'Union européenne, il sied de s'attacher en premier lieu à l'historique et à la genèse du cadre Prüm (**Partie I**). Puis, nous analyserons les règles que pose ce cadre ainsi que les évolutions législatives envisagées, lesquelles régissent l'échange d'informations concernant des profils ADN en matière répressive (**Partie II**).

¹ Le présent article se concentre uniquement sur l'aspect international. L'aspect national sera abordé dans le cadre d'un second article.

Partie I. L'historique et la genèse du cadre Prüm

A. L'historique du cadre Prüm

1.006. Le 27 mai 2005, sept pays membres de l'Union européenne (la Belgique, l'Allemagne, l'Espagne, la France, le Luxembourg, les Pays-Bas et l'Autriche) ont signé un traité relatif à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme, la criminalité transfrontalière et la migration illégale. Ce traité est communément appelé le « traité de Prüm »². La signature de ce traité s'inscrivait dans le prolongement de l'idée d'un renforcement de l'échange d'informations entre Etats membres sur la base du principe de disponibilité³.

1.007. De nombreux Etats membres de l'Union européenne ont, postérieurement à la signature du traité de Prüm, marqué leur intérêt pour celui-ci et y ont adhéré. Il s'agit de la Bulgarie, la Roumanie, la Slovénie, la Finlande, la Hongrie, l'Estonie et la Slovaquie⁴.

1.008. L'article 1^{er}, §4, du traité de Prüm prévoyait qu'au plus tard trois ans après son entrée en vigueur, une initiative serait présentée en vue de la transcription des dispositions du traité dans le cadre juridique de l'Union européenne sur la base d'une évaluation de l'expérience acquise dans le cadre de la mise en œuvre du traité.

1.009. C'est ainsi à l'initiative de quinze Etats membres⁵, qu'une décision du Conseil de l'Union européenne du 23 juin 2008, également appelée « décision Prüm », a été adoptée dans le but d'intégrer en substance les dispositions du traité de Prüm dans le cadre juridique de l'Union européenne⁶. Il a été décidé de limiter cette intégration à la coopération policière et de

² Traité du 27 mai 2005 entre le Royaume de Belgique, la République fédérale d'Allemagne, le Royaume d'Espagne, la République française, le Grand-Duché de Luxembourg, le Royaume des Pays-Bas et la République d'Autriche relatif à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme, la criminalité transfrontalière et la migration illégale (document 10900/05), Bruxelles, 7 juillet 2005, disponible à l'adresse <https://data.consilium.europa.eu/doc/document/ST-10900-2005-INIT/en/pdf>. Ce traité sera ci-après désigné « traité de Prüm du 27 mai 2005 ».

³ Sur ce principe, voy. *infra*, n°1.014 à 1.020.

⁴ Rapport de la Commission au Parlement européen et au Conseil sur la mise en œuvre de la décision 2008/615/JAI du Conseil relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière (ci-après également dénommée « décision Prüm »), COM(2012) 732 final, 23 juin 2008, p. 3, disponible à l'adresse <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/PDF/?uri=CELEX:52012DC0732>.

⁵ Initiative de quinze Etats membres en vue de l'adoption de la décision du Conseil relative à l'approfondissement de la coopération transfrontière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontière, *J.O.*, C 71, 28 mars 2007 (2007/C 71/13), p. 35, disponible à l'adresse https://edps.europa.eu/data-protection/our-work/publications/opinions/cross-border-cooperation-pr%C3%BCm-treaty_fr.

⁶ Décision 2008/615/JAI du Conseil du 23 juin 2008 relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière, *J.O.*, L 210, 6 août 2008, disponible à l'adresse <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/ALL/?uri=celex%3A32008D0615>. Cette décision sera ci-après désignée « première décision Prüm 2008/615/JAI du 23 juin 2008 ».

ne pas reprendre les dispositions relatives à la migration notamment⁷. Cette décision sera ci-après désignée comme la « première décision Prüm ».

1.010. Une seconde décision du Conseil de l'Union européenne, adoptée le même jour, établit quant à elle les dispositions normatives communes qui sont indispensables à la mise en œuvre administrative et technique des formes de coopération prévues dans la première décision. Elle comporte également une annexe contenant les dispositions d'exécution à caractère technique⁸. Cette décision sera ci-après désignée comme la « seconde décision Prüm ».

1.011. Suite à l'intégration du traité de Prüm dans le cadre juridique de l'Union européenne par les deux décisions du Conseil précitées – communément appelées les « décisions Prüm » – les règles qu'elles contiennent sont ainsi devenues applicables à l'ensemble des pays membres de l'Union européenne.

Les décisions Prüm comportent des dispositions destinées à améliorer l'échange d'informations en permettant aux Etats membres de s'accorder des droits d'accès à leurs fichiers automatisés d'analyses ADN, à leurs systèmes automatisés d'identification dactyloscopique et à leurs registres d'immatriculation des véhicules. Elles comportent également des dispositions destinées à renforcer la coopération policière et judiciaire.

Les décisions Prüm prévoient en outre que les règles qu'elles contiennent s'appliquent en lieu et place de celles correspondantes qui figurent dans le traité de Prüm pour les Etats qui y sont parties, ces derniers restant par ailleurs liés par ledit traité pour les autres dispositions⁹.

Depuis leur entrée en vigueur le 26 août 2008¹⁰, les décisions Prüm contribuent avec succès à la lutte contre la criminalité et le terrorisme dans l'Union européenne¹¹. Il subsiste néanmoins encore des lacunes dans le domaine de l'échange d'informations et des améliorations peuvent par conséquent être apportées¹².

⁷ C. MARIËN, « Du Traité de Prüm à Prüm II – Quel avenir pour l'échange automatisé de données et la lutte contre la criminalité dans l'Union ? », *R.D.U.E.*, 2022/3, pp. 93-120.

⁸ Décision 2008/616/JAI du Conseil du 23 juin 2008 concernant la mise en œuvre de la décision 2008/615/JAI relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière, *J.O.*, L 210, 6 août 2008, disponible à l'adresse <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/fr/TXT/?uri=CELEX:32008D0616>. Cette décision sera ci-après désignée « seconde décision Prüm 2008/616/JAI du 23 juin 2008 ».

⁹ Première décision Prüm 2008/615/JAI du 23 juin 2008, article 35.

¹⁰ Soit le vingtième jour suivant celui de leur publication au Journal officiel de l'Union européenne tel que prévu à l'article 37 de la première décision Prüm 2008/615/JAI du 23 juin 2008 et l'article 24 de la seconde décision Prüm 2008/616/JAI du 23 juin 2008.

¹¹ Certains auteurs considèrent que l'efficacité du régime de Prüm est difficile à mesurer en raison du manque général de données disponibles, pertinentes, précises et comparables qui permettent concrètement l'analyse objective, indépendante et systématique de la contribution du régime de Prüm à la lutte contre la criminalité transfrontalière et le terrorisme (voy. en ce sens V. TOOM, R. GRANJA et A. LUDWIG, « The Prüm Decisions as an Aspirational regime: Reviewing a Decade of Cross-Border Exchange and Comparison of Forensic DNA Data », *Forensic Science International: Genetics*, Juillet 2019, p. 55).

¹² Proposition de règlement du Parlement européen et du Conseil relatif à l'échange automatisé de données dans le cadre de la coopération policière (« Prüm II »), modifiant les décisions 2008/615/JAI et 2008/616/JAI du Conseil et les règlements (UE) 2018/1726, 2019/817 et 2019/818 du Parlement européen et du Conseil, COM(2021) 784 final, Bruxelles, 8 décembre 2021, p. 1, disponible à l'adresse <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/ALL/?uri=CELEX%3A52021PC0784>. Cette proposition sera ci-après désignée comme « proposition de règlement Prüm II ».

1.012. Dans ses conclusions sur la mise en œuvre des décisions Prüm dix ans après leur adoption, le Conseil de l'Union européenne soulignait l'importance de la consultation et de la comparaison automatisées de profils ADN, de données dactyloscopiques et de données relatives à l'immatriculation des véhicules ainsi que d'autres formes de coopération pour lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontière¹³. Le Conseil demandait par ailleurs à la Commission européenne d'envisager de réviser les décisions Prüm après leur mise en œuvre pleine et entière par tous les Etats membres, en vue d'en élargir le champ d'application, et, à cette fin, de mettre à jour les exigences techniques et juridiques nécessaires¹⁴.

Document intégré dans un processus de publication
Accessible sur demande à l'adresse de courrier électronique
suivante :

jean-marc.hausman@uclouvain.be

¹³ Conclusions du Conseil sur la mise en œuvre des « Décisions Prüm » dix ans après leur adoption (document 11227/18), Bruxelles, 16 juillet 2018, p. 3, disponible à l'adresse <https://data.consilium.europa.eu/doc/document/ST-11227-2018-INIT/fr/pdf>.

¹⁴ *Ibid.*, p. 5.

Rapport de synthèse des tâches sur l'analyse juridique internationale

I. INTRODUCTION

L'objectif du WP 4 est de déterminer quel matériel biologique peut être légalement utilisé pour l'analyse ADN en matière pénale ainsi que le type d'informations pouvant en être légalement extraites et versées dans les banques de données génétiques. Le développement incessant des technologies scientifiques soulève, en effet, des questions quant à la légalité de certaines pratiques plongeant ainsi les acteurs de terrain dans une situation d'incertitude quant à leur possibilité d'y recourir.

Cette recherche repose sur une analyse préalable des normes juridiques applicables tant au niveau national (tâche 4.2) qu'international (tâche 4.1). La première étape (tâche 4.1) a consisté en une étude approfondie des instruments juridiques internationaux afin d'identifier les invariants juridiques, c'est-à-dire l'ensemble de règles hiérarchiquement supérieures qui délimitent le cadre général de cette recherche. Les instruments internationaux pertinents sont principalement européens.

Ces invariants ont été dégagés à partir de l'analyse de la jurisprudence de la Convention européenne des droits de l'homme — qui garantit la protection des droits fondamentaux sous la supervision de la Cour européenne des droits de l'homme dans les 46 États membres du Conseil de l'Europe — et du traité de Prüm — qui régit la coopération interétatique au sein de l'Union européenne et permet notamment l'échange d'informations entre services répressifs, y compris celles relatives aux profils ADN.

Cette analyse a donné lieu à deux notes de synthèse respectivement de 21 et 29 pages. Le choix de réaliser des notes de synthèse détaillées s'explique par la volonté de restituer l'ensemble des nuances juridiques et interprétatives issues des sources étudiées. Ce format constitue un outil de référence structuré, facilement mobilisable pour les étapes ultérieures du projet, notamment pour la comparaison des cadres normatifs internationaux et l'identification des convergences ou divergences entre systèmes juridiques. Enfin, la richesse du contenu réuni dans ces notes assure la disponibilité du matériau normatif nécessaire à la rédaction de futures publications scientifiques.

Il était nécessaire de poser ce cadre de référence qui permettra ensuite de baliser l'analyse juridique comparative du recours aux banques de données ADN en matière pénale à l'échelle internationale (tâche 4.3) ainsi que l'élaboration de scénarios législatifs prospectifs (tâche 4.4).

II. Note de synthèse sur les “invariants juridiques” sous le prisme de la jurisprudence de la Cour de justice de l’Union européenne et la Cour européenne des droits de l’homme

(i) Plan de la note

Les techniques d’identification génétique mettent inévitablement en tension les droits fondamentaux, tant au stade de l’enquête qu’après le procès. Cette tension s’accroît au rythme des évolutions technologiques, ce d’autant que l’ADN occupe une place centrale dans les enquêtes pénales. Dans ce contexte, il est essentiel d’examiner la manière dont les juridictions européennes encadrent l’usage de ces techniques afin de préserver l’équilibre entre innovation scientifique et respect des libertés individuelles.

La première partie de cette note est consacrée à l’étude des instruments internationaux qui définissent le cadre juridique applicable. Elle distingue deux ensembles normatifs majeurs : d’une part, ceux issus du Conseil de l’Europe, au premier rang desquels figurent la Convention européenne des droits de l’homme et la jurisprudence de la Cour européenne des droits de l’homme ; d’autre part, ceux émanant de l’Union européenne, tels que le règlement 2016/679 (« RGPD »)¹ et la directive 2016/680², interprétés par la Cour de justice de l’Union européenne. Cette première partie établit les fondements juridiques sur lesquels repose l’analyse des pratiques en matière d’ADN.

La seconde partie aborde les implications de l’utilisation des échantillons cellulaires au regard des droits fondamentaux. Elle examine, successivement, l’incidence de ces pratiques sur le droit à l’intégrité physique, le droit au procès équitable (à travers la question de l’administration de la preuve, du droit au silence et de la présomption d’innocence), ainsi que sur le droit à la vie privée ce, tant lors de la collecte que de la conservation des échantillons biologiques. Sont également analysés le principe de non-discrimination et le principe de légalité des peines, afin de mesurer la compatibilité de l’usage des données génétiques avec ces garanties fondamentales.

(ii) Méthodologie

Pour chacun des droits fondamentaux identifiés, cette note s’est d’abord attachée à en préciser la définition et à renvoyer aux instruments internationaux qui en établissent le cadre, en détaillant également les conditions encadrant d’éventuelles ingérences. L’évolution et la mise en tension de ces droits ont ensuite été analysées à travers des cas jurisprudentiels spécifiques, illustrant la manière dont les juridictions européennes concilient progrès technologiques et protection des libertés individuelles.

À ce titre, 25 arrêts de la Cour européenne des droits de l’homme ont été étudiés. La jurisprudence de la Cour de justice de l’Union européenne, bien que moins fournie, a

¹ Règlement 2016/679 du Parlement européen et du Conseil du 27 avril 2016 relatif à la protection des personnes physiques à l’égard du traitement des données à caractère personnel et à la libre circulation de ces données, et abrogeant la directive 95/46/CE, *J.O.U.E.*, 4 mai 2016, L 119.

² Directive 2016/680 du Parlement européen et du Conseil du 27 avril 2016, relative à la protection des personnes physiques à l’égard du traitement des données à caractère personnel par les autorités compétentes à des fins de prévention et de détection des infractions pénales, d’enquêtes et de poursuites en la matière ou d’exécution de sanctions pénales, et à la libre circulation de ces données, et abrogeant la décision-cadre 2008/977/JAI du Conseil, *J.O.U.E.*, 4 mai 2016, L119.

également été examinée, surtout son arrêt clé du 26 janvier 2023³ qui éclaire la protection des données biométriques et génétiques au sein du cadre normatif de l'Union.

(iii) Contenu pertinent

Cette note de jurisprudence permet de retracer l'évolution de l'équilibre entre la protection des libertés individuelles et les objectifs de prévention des infractions, à la lumière des instruments européens.

La jurisprudence de la Cour européenne des droits de l'homme, s'est avérée plus riche que celle de la Cour de justice de l'Union européenne pour analyser les tensions générées par l'exploitation de l'ADN en matière pénale. Parmi l'ensemble des droits fondamentaux, c'est principalement le droit à la vie privée qui se trouve particulièrement mis en tension par cette pratique.

Les enseignements tirés de cette analyse constituent ainsi une base essentielle pour la suite de la recherche et, en particulier, pour l'élaboration de propositions de modifications législatives sous forme de scénarios prospectifs (tâche 4.4).

III. Note de synthèse sur les "invariants juridiques" du cadre Prüm

(i) Plan de la note

Le traité de Prüm⁴ vise à faciliter l'échange d'informations entre États membres, en accordant des droits d'accès aux fichiers automatisés d'analyses ADN, aux systèmes d'identification dactyloscopique et aux registres d'immatriculation des véhicules, tout en renforçant la coopération policière et judiciaire. Son objet, centré sur la transmission et l'exploitation transfrontalière de données sensibles à des fins pénales, rend l'étude de ce cadre particulièrement pertinente pour cette recherche, d'autant plus que, depuis son entrée en vigueur le 26 août 2008⁵, les décisions Prüm contribuent avec succès à la lutte contre la criminalité et le terrorisme au sein de l'Union européenne⁶.

La note de synthèse s'organise en deux parties principales. La première partie retrace l'historique et la genèse du cadre Prüm, afin de situer la naissance de ce mécanisme dans son contexte politique et juridique.

La deuxième partie se concentre sur le cadre juridique de l'échange automatisé de données ADN sous le prisme du mécanisme Prüm. Elle examine d'abord les règles générales établies par les décisions Prüm, les prérequis imposés aux États membres, les caractéristiques des

³ Arrêt du 26 janvier 2023, V.S./ Ministerstvo na vatrashnite raboti, Glavna direksia za borba s organiziranata prestapnost, C205/21, EU:C:2023:49.

⁴ Traité du 27 mai 2005 entre le Royaume de Belgique, la République fédérale d'Allemagne, le Royaume d'Espagne, la République française, le Grand-Duché de Luxembourg, le Royaume des Pays-Bas et la République d'Autriche relatif à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme, la criminalité transfrontalière et la migration illégale (document 10900/05), Bruxelles, 7 juillet 2005.

⁵ Soit le vingtième jour suivant celui de leur publication au Journal officiel de l'Union européenne tel que prévu à l'article 37 de la première décision Prüm 2008/615/JAI du 23 juin 2008 et l'article 24 de la seconde décision Prüm 2008/616/JAI du 23 juin 2008.

⁶ Certains auteurs considèrent que l'efficacité du régime de Prüm est difficile à mesurer en raison du manque général de données disponibles, pertinentes, précises et comparables qui permettent concrètement l'analyse objective, indépendante et systématique de la contribution du régime de Prüm à la lutte contre la criminalité transfrontalière et le terrorisme (voy. en ce sens V. TOOM, R. GRANJA et A. LUDWIG, « The Prüm Decisions as an Aspirational regime: Reviewing a Decade of Cross-Border Exchange and Comparison of Forensic DNA Data », *Forensic Science International: Genetics*, Juillet 2019, p. 55).

données transmises, ainsi que les procédures de prélèvement et d'échange des profils ADN. Vient, ensuite, l'analyse de la réforme introduite par le règlement Prüm II, portant sur la finalité des échanges, l'architecture du règlement, la procédure post-correspondance, l'intégration d'Europol, l'élargissement des catégories de données, la conformité aux exigences de protection des données personnelles et l'interopérabilité avec les autres systèmes d'information de l'Union européenne.

Cette note permet d'articuler une lecture claire et progressive du cadre Prüm, en partant de son origine historique pour arriver à son régime juridique actuel, tout en mettant en lumière les invariants qui structurent durablement le mécanisme d'échange de données ADN.

(ii) Méthodologie

Cette note de synthèse a été rédigée en étudiant principalement le cadre normatif instauré ainsi que des articles de doctrine. Le règlement Prüm II est entré en vigueur le 25 avril 2024⁷, soit pendant la durée de ce projet. Il a donc été nécessaire d'adapter la note initiale pour intégrer à la fois les objectifs initiaux de la Commission européenne concernant cette réforme et les changements effectivement consacrés par le nouveau règlement. Cela a nécessité une analyse comparative approfondie entre les décisions Prüm originales et les dispositions du règlement Prüm II.

(iii) Contenu pertinent

Le traité de Prüm fixe, pour partie, les limites dans lesquelles est susceptible d'évoluer la législation belge en matière d'échange d'informations génétiques. Avec l'entrée en vigueur de Prüm II, cette analyse devient d'autant plus pertinente, puisqu'elle permet d'évaluer les implications de ces nouvelles dispositions pour la Belgique et d'offrir un aperçu actualisé des contraintes et opportunités d'adaptation législative dans un contexte international en mutation.

Cette note présente également l'intérêt d'étudier le règlement Prüm II, conçu pour répondre aux lacunes identifiées dans Prüm I par la Commission européenne, à savoir : l'indisponibilité de certaines données, l'accès limité aux informations personnelles après correspondance, les moyens inefficaces pour interroger Europol ou d'autres catégories de données pertinentes, et l'absence d'harmonisation pour la recherche de personnes disparues ou de restes humains non identifiés.

Le règlement Prüm II, réforme donc le cadre initial en élargissant et clarifiant le champ de l'échange automatisé de données, tout en précisant la finalité des échanges et les caractéristiques des profils ADN transmis. Il renforce aussi la conformité avec la protection des données personnelles et assure l'interopérabilité avec les autres systèmes d'information de l'Union européenne.

Cette note de synthèse pourra être exploitée afin de rédiger article scientifique sur cette thématique.

⁷ Règlement 2024/982 du Parlement européen et du Conseil du 13 mars 2024 relatif à la consultation et l'échange automatisés de données dans le cadre de la coopération policière, et modifiant les décisions 2008/615/JAI et 2008/616/JAI du Conseil et les règlements (UE) 2018/1726, (UE) 2019/817 et (UE) 2019/818 du Parlement européen et du Conseil (règlement Prüm II), *J.O.U.E.*, 5 avril 2024.

ETAT DU DROIT BELGE SUR L'UTILISATION DE L'ADN EN MATIERE PENALE

L'utilisation de l'acide désoxyribonucléique (ci-après « l'ADN ») à des fins d'analyse dans le cadre de la justice pénale est devenue un élément indispensable de la police scientifique moderne. Dans le langage populaire, on emploie également l'expression « profilage ADN » afin de désigner la méthode d'analyse de l'ADN utilisée en criminalistique¹.

Dans les années 1980, de nombreuses recherches scientifiques ont été menées afin d'utiliser l'ADN comme marque d'individualisation. En 1983, Sir Alec Jeffreys, en collaboration avec les services de la police scientifique du Royaume-Uni, a inventé le profilage de l'ADN, ou empreinte génétique, dans lequel les courtes répétitions en tandem (en anglais « Short Tandem Repeats » ou STRs) dans une séquence d'ADN sont utilisées pour déterminer les caractéristiques individuelles d'une personne. Cette technique a pu commencer à être utilisée, la même année, dans des affaires judiciaires au Royaume-Uni².

L'année de la publication des travaux de Sir Alec Jeffreys en 1985, la Belgique eut recours pour la première fois à cette technique dans le cadre d'une affaire judiciaire³. L'utilisation de l'ADN aux fins d'identification par analyse génétique (ci-après l'« IAG ») en matière pénale s'est d'abord développée en Belgique en dehors d'un cadre juridique particulier. Elle relevait alors des règles relatives à la procédure pénale en général et à l'expertise judiciaire en particulier⁴. Elle soulevait toutefois des questions touchant aux risques d'atteintes aux libertés et aux droits des personnes qui pouvaient en faire l'objet (particulièrement le droit au silence ainsi que le respect de la vie privée et de l'intégrité physique) mises en lumière par la doctrine⁵. Si, dans les affaires où l'utilisation de l'ADN était contestée, la jurisprudence affirmait son ouverture à l'égard de ce nouveau mode de preuve⁶, la nécessité de l'adoption d'une loi spécifique a rapidement émergé afin de consacrer la technique de l'IAG⁷.

¹ L. KAUR et G. S. SHARMA, « Forensic DNA analysis: a powerful investigative tool », in *Crime Scene Management within Forensic Science - Forensic Techniques for Criminal Investigation*, Springer, 2022, p. 1.

² C. M. JOSEPH, « Forensic biology: a passport for biological evidence » in *Crime Scene Management within Forensic Science - Forensic Techniques for Criminal Investigation*, Springer, 2022, p. 123.

³ B. RENARD, « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », thèse de doctorat, 2008, p. 23, disponible à l'adresse <https://dial.uclouvain.be/pr/boreal/object/boreal:158063>.

⁴ *Ibid.*, p. 19.

⁵ *Ibid.*, p. 28.

⁶ *Ibid.*, p. 32.

⁷ *Ibid.*, p. 52.

I. La loi du 22 mars 1999 instaurant une réglementation spécifique de l'utilisation de l'ADN en matière pénale en Belgique

Par une loi du 22 mars 1999 la Belgique se dote, pour la première fois, d'une législation spécifique relative à l'utilisation de l'ADN en matière pénale⁸. Celle-ci offre le cadre légal nécessaire au traitement de ces données sensibles, notamment d'un point de vue de la protection de la vie privée⁹.

A. Le prélèvement et le traitement des traces et des échantillons d'ADN

La loi de 1999 prévoit des dispositions relatives au prélèvement et au traitement des traces et échantillons d'ADN¹⁰. Elle emploie l'expression d'« analyse ADN de comparaison » précisant que celle-ci vise uniquement à comparer des profils ADN d'échantillons de cellules humaines découverts ou prélevés afin d'identifier des personnes concernées par une infraction¹¹. L'analyse de comparaison ne peut avoir lieu que sur des segments d'ADN non codants¹², étant précisé qu'aucune définition du caractère « non codant » de l'ADN n'est donnée par la loi. Les profils ADN obtenus ainsi que les données y relatives sont communiqués sur l'ordre du ministère public à l'Institut National de Criminalistique et de Criminologie (ci-après l'« INCC »)¹³ afin d'y être traités et conservés. Le prélèvement d'un échantillon de cellules humaines sur une personne aux fins d'analyse ADN de comparaison ne peut être ordonné par le procureur du Roi ou par le juge d'instruction que si au moins une trace de cellules humaines a été découverte et recueillie dans le cadre de l'affaire dont l'un ou l'autre est saisi¹⁴.

⁸ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999.

⁹ A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *Rev. dr. pén.*, 2012/12, p. 1122.

¹⁰ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 2016, pp. 23-41.

¹¹ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 2.

¹² Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 2.

¹³ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 2.

¹⁴ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, articles 2 et 3.

Le procureur du Roi peut, dans l'intérêt de l'information¹⁵, demander à une personne majeure l'autorisation de prélever chez elle une quantité de sang, de muqueuses de la joue ou de bulbes pileux selon son choix, aux fins d'analyse ADN de comparaison¹⁶. Le juge d'instruction peut quant à lui ordonner un tel prélèvement dans l'intérêt de l'instruction¹⁷. Il peut l'ordonner avec le consentement de l'intéressé ou sous la contrainte, si le fait pour lequel il est saisi est une infraction punie d'une peine maximale de cinq ans d'emprisonnement ou plus lourde et s'il dispose d'indices que la personne visée présente un lien direct avec la réalisation des faits¹⁸. Que le prélèvement soit requis par le procureur du Roi ou le juge d'instruction, il ne peut être réalisé que par un médecin en cas de prélèvement de sang, auquel s'ajoutent un officier de police judiciaire ou un officier auxiliaire du procureur du Roi en cas de prélèvement de muqueuses de la joue ou de bulbes pileux¹⁹. En cas de prélèvement effectué sous la contrainte physique à la demande du juge d'instruction, celle-ci est exercée par des fonctionnaires de police et tout prélèvement de sang est alors interdit²⁰. Les dispositions relatives au prélèvement et au traitement des traces et échantillons d'ADN, qu'elles concernent la phase relative à l'information ou celle de l'instruction, prévoient les modalités relatives à une éventuelle contre-expertise à la demande de la personne concernée par le prélèvement²¹.

Le procureur du Roi ou le juge d'instruction doit informer la personne concernée par le prélèvement des circonstances de l'affaire. Il doit également lui indiquer que son profil pourra être relié, dans la banque de données « Criminalistique » aux profils d'autres traces découvertes dans le cadre d'autres affaires pénales²². Au cours de l'information, ce lien est fait en cas

¹⁵ L'enquête menée par le procureur du Roi, avec l'aide des services de police, porte le nom d'information. D'une part, l'information permet la construction des dossiers pénaux en réaction aux infractions portées à la connaissance du ministère public. D'autre part, elle permet la découverte de nouvelles infractions (Voy. L. TEPER, « La justice pénale » in *Manuel d'introduction au droit : tour d'horizon en quinze leçons*, Éditions Politeia, Bruxelles, 2023, p. 472).

¹⁶ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 2.

¹⁷ L'instruction est menée par un juge d'instruction appelé à exercer des fonctions juridictionnelles et des fonctions d'investigation. Caractérisé par son indépendance et son impartialité, il recherche des éléments de preuve à charge et à décharge (art. 56, § 1, C.i. cr.) et peut, pour ce faire, poser tous les actes de police judiciaire qu'il estime nécessaires (art. 56, § 3, al. 1er, C.i. cr.) (Voy. L. TEPER, « La justice pénale » in *Manuel d'introduction au droit : tour d'horizon en quinze leçons*, *op. cit.*, p. 468).

¹⁸ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 3.

¹⁹ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, articles 2 et 3.

²⁰ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 3.

²¹ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, articles 2 et 3.

²² Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, articles 2 et 3.

d'analyse ADN de comparaison établissant un lien positif avec le profil ADN de la trace concernée²³. Une telle condition de lien positif n'est pas indiquée dans le cadre des dispositions relatives à l'instruction²⁴.

L'établissement du profil ADN de l'échantillon prélevé sur une personne et l'analyse ADN de comparaison sont effectués par un expert désigné par la personne à l'origine de la mesure (le procureur du Roi ou le juge d'instruction), lequel expert doit être attaché à un laboratoire agréé par le Roi. L'échantillon de cellules prélevé doit être détruit par l'expert, dès que celui-ci est informé par le ministère public soit de l'absence d'une contre-expertise, soit du fait que le résultat de la contre-expertise a été porté à la connaissance de l'intéressé²⁵.

B. Les banques de données ADN « Criminalistique » et « Condamnés »

La loi du 22 mars 1999 prévoit des dispositions relatives aux deux banques de données ADN qu'elle crée au sein de l'INCC : une banque de données ADN « Criminalistique »²⁶ et une banque de données ADN « Condamnés »²⁷.

La banque de données ADN « Criminalistique » contient les profils ADN de traces découvertes de cellules humaines, lesquels ne peuvent être utilisés qu'aux fins d'établir un lien d'identification entre les profils ADN des traces découvertes ou entre ceux-ci et des profils ADN d'échantillons prélevés sur des personnes. Le ministère public ou le juge d'instruction, selon le cas, peut, par décision motivée, ordonner à un expert attaché à l'INCC de comparer le profil ADN des traces de cellules découvertes ou le profil ADN de l'échantillon de cellules humaines prélevé avec les données contenues dans la banque de données. Seuls ces magistrats peuvent prendre connaissance de l'identité de la personne à laquelle se rapportent les profils ADN pertinents de la banque de données. La loi du 22 mars 1999 régit également les modalités d'enregistrement des profils ADN pertinents dans la banque de données et des données y relatives qui sont limitativement énumérées. Les profils ADN y sont enregistrés sous un numéro

²³ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 2.

²⁴ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, articles 2 et 3.

²⁵ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, articles 2 et 3.

²⁶ Toutes les dispositions relatives à la banque de données ADN « Criminalistique » relèvent de l'article 4 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale. Dans un souci de fluidité pour le lecteur, nous le renvoyons à cet article concernant cette banque de données.

²⁷ Toutes les dispositions relatives à la banque de données ADN « Condamnés » relèvent de l'article 5 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale. Dans un souci de fluidité pour le lecteur, nous le renvoyons à cet article concernant cette banque de données.

de code afin d'en assurer l'anonymisation. Ces profils et données sont effacés de la banque de données sur ordre du ministère public dès lors que leur conservation n'est pas ou plus utile. Elles sont dans tous les cas effacées trente ans après leur enregistrement dans la banque de données pour les profils ADN non identifiés ou dès lors qu'une décision judiciaire passée en force de chose jugée est intervenue dans le dossier concerné pour les profils ADN identifiés.

La banque de données ADN « Condamnés » contient quant à elle le profil ADN de chaque personne qui, pour avoir commis une des infractions limitativement énumérées par le texte, a été condamnée définitivement à une peine d'emprisonnement ou à une peine plus lourde ou pour laquelle une mesure d'internement a été ordonnée. Si, dans le cadre de la procédure pénale concernée, le profil ADN de l'intéressé a été dressé, celui-ci est enregistré dans la banque de données « Condamnés » sur ordre du ministère public. En l'absence de profil ADN préalablement dressé, le ministère public requiert qu'il soit procédé à un prélèvement sur la personne concernée, selon les mêmes distinctions déjà évoquées entre les intervenants en fonction de la nature du prélèvement (sang, muqueuses de la joue ou bulbes pileux) et selon que la mesure soit exercée avec l'accord de l'intéressé ou sous la contrainte. L'intéressé est informé de l'enregistrement de son profil dans la banque de données « Condamnés » et du fait que celui-ci pourra être comparé avec d'autres profils ADN de traces découvertes dans le cadre d'autres affaires pénales. L'expert détruit immédiatement l'échantillon de cellules prélevé. L'utilisation de ces données est limitée exclusivement afin de pouvoir identifier directement ou indirectement des personnes concernées par une infraction. Le ministère public ou le juge d'instruction, selon le cas, peut, par décision motivée, ordonner à un expert attaché à l'INCC de comparer le profil ADN des traces découvertes de cellules humaines avec les données contenues dans la banque de données ADN « Condamnés ». Les données pouvant être enregistrées dans ladite banque de données sont détaillées. Les profils ADN sont enregistrés sous un numéro de code et, comme pour la banque de données « Criminalistique », seuls les magistrats peuvent connaître l'identité des personnes relatives à ces profils. Il est par ailleurs précisé que les informations contenues de la banque de données ADN « Condamnés » sont effacées sur ordre du ministère public dix ans après le décès de la personne à laquelle elles se rapportent.

C. Les infractions liées à l'utilisation frauduleuse des données ADN et les dispositions d'exécution issues de l'arrêté royal du 4 février 2002

La loi du 22 mars 1999 crée un certain nombre d'infractions relatives à une utilisation frauduleuse des données ADN visées. Il s'agit notamment du fait de prendre connaissance, sans y être autorisé, des résultats de l'analyse ADN de comparaison ou de l'utilisation de ces données obtenues frauduleusement à d'autres fins que celles de la procédure pénale. Cela concerne aussi l'utilisation des résultats d'une analyse ADN de comparaison par une personne autorisée mais à d'autres fins que celles de la procédure pénale. Enfin, le fait d'utiliser des échantillons de traces de cellules humaines découvertes ou des échantillons prélevés à d'autres fins que celles de la procédure pénale est également pénalisé. La loi du 22 mars 1999 précise les peines relatives à ces infractions²⁸.

La loi renvoie à un arrêté royal pour les dispositions relatives à son exécution²⁹. Ledit arrêté royal du 4 février 2002³⁰, prévoit tout d'abord les mesures à observer lors du traitement, du prélèvement et de l'analyse des traces de cellules. Il prévoit en outre un système d'agrément des laboratoires qui effectuent les analyses ADN et les modalités techniques liées aux banques de données ADN créées par la loi. L'arrêté royal fait encore état des exigences en matière de confidentialité et de secret à l'égard des membres du personnel concernés par l'exploitation des banques de données. Une commission d'évaluation d'analyse ADN est également créée afin de faciliter la mise en œuvre de l'arrêté royal, laquelle est amenée à émettre des avis sur des questions de nature scientifique et technique en rapport avec l'analyse ADN. L'annexe audit arrêté royal précise par ailleurs les marqueurs ADN ou loci (7 au total) qu'il convient d'utiliser au strict minimum en plus de l'amélogénine dans le cadre des analyses ADN. Outre ceux-ci, il est indiqué que les marqueurs déjà employés au niveau international par le FBI (13) et dans le logiciel CODIS peuvent être utilisés. Il est également précisé que l'ADN mitochondrial peut être déterminé à titre de test complémentaire mais ne peut pas être utilisé isolément comme méthode comparative au sens de la loi du 22 mars 1999.

²⁸ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 6.

²⁹ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999, article 7.

³⁰ Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 mars 2002.

Différents écueils ont rapidement été mis au jour suite à l'entrée en vigueur de la loi du 22 mars 1999 et de son arrêté royal d'exécution du 4 février 2002. Outre la lourdeur et la complexité des procédures prévues, il est apparu qu'un grand nombre de traces n'étaient pas analysées et qu'un nombre non négligeable de profils ADN n'était pas enregistré dans les banques de données créées puisque l'enregistrement supposait l'ordre d'un magistrat en ce sens. Enfin, l'anonymat des personnes dont les profils étaient stockés dans certains laboratoires d'analyse n'était pas garanti. C'est dans ce contexte qu'une réforme législative a été envisagée³¹.

II. La loi du 7 novembre 2011 tendant à une simplification et à un gain d'efficacité dans l'utilisation de l'analyse ADN en matière pénale

Une loi du 7 novembre 2011 modifie le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale³². Nous ferons état des principales modifications qu'elle apporte.

A. **L'existence d'« indices de culpabilité » comme condition préalable à un prélèvement**

La loi du 7 novembre 2011 définit tout d'abord les termes et expressions relatifs à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale. Le caractère non codant des séquences à partir desquelles les profils ADN sont établis y est réaffirmé³³.

Le prélèvement d'un échantillon de cellules humaines sur une personne n'est plus conditionné à la découverte et au recueil d'une trace dans le cadre de l'affaire la concernant³⁴. Il est exigé l'existence « d'indices de culpabilité » à l'encontre de cette personne dans la commission des faits de cette affaire, que la mesure soit prise à l'initiative du procureur du Roi ou du juge d'instruction³⁵. Si la mesure est prise à l'initiative du procureur du Roi, ces indices de

³¹ A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, pp. 1122-1123.

³² Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011.

³³ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 2.

³⁴ Cette condition de découverte et de recueil d'une trace dans une affaire pour permettre le prélèvement d'un échantillon de cellules humaines sur une personne pouvait conduire à des retards dans la procédure voire empêcher un tel prélèvement sur un suspect et l'enregistrement subséquent de son profil dans la banque de données « Criminalistique » (Voy. A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, p. 1127).

³⁵ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 4 et 6.

culpabilité peuvent également concerner la commission de faits similaires^{36,37}. La condition de gravité des faits pour lesquels le juge d'instruction peut ordonner un prélèvement sous la contrainte reste inchangée³⁸. Des modalités particulières sont prévues pour les prélèvements concernant des mineurs³⁹.

B. La systématisation de certaines procédures

L'expert en charge d'établir les profils ADN les communique d'office au gestionnaire des banques nationales de données ADN⁴⁰. L'expert n'est donc plus contraint par un ordre du ministère public en ce sens. Cela a eu rapidement pour effet d'augmenter de manière significative les profils enregistrés dans la banque de données « Criminalistique »⁴¹. Par ailleurs, en cas d'enregistrement d'un profil dans une des banques nationales de données ADN, celui-ci est systématiquement comparé avec les autres profils enregistrés dans ces banques nationales mais aussi étrangères⁴² et ne nécessite pas une requête d'un magistrat à cet effet⁴³.

³⁶ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 4.

³⁷ Par « faits similaires » il faut comprendre des faits qui tombent soit sous le coup de la même qualification que l'infraction dont le sujet est suspecté, soit sous une qualification connexe (Voy. A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, p. 1128).

³⁸ Le juge d'instruction, comme sous l'empire de la loi du 22 mars 1999, ne peut ordonner le prélèvement d'un échantillon de référence sur une personne que si les faits dont il est saisi sont punissables d'une peine maximale de cinq ans d'emprisonnement ou d'une peine plus lourde (Voy. Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 6).

³⁹ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 4 et 6.

⁴⁰ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 3 §3, article 4 §7, article 7 §8, article 6 §6, article 6 §7, article 16 §3.

⁴¹ Suite à l'entrée en vigueur de la loi du 7 novembre 2011 au cours de l'année 2014, la banque de données « Criminalistique » dépasse le seuil des 4.000 profils enregistrés annuellement. (Voy. RENARD, « Banque Nationale de données génétiques en Belgique : les enjeux d'une construction progressive » in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, Éditions de la maison des sciences de l'homme, 2021, p. 141).

⁴² Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 2, 6 et 15.

⁴³ A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, pp. 1142-1143.

C. Les dispositions relatives à la personne non suspecte

La loi du 7 novembre 2011 contient des dispositions spécifiques relatives au prélèvement réalisé sur une personne non suspecte⁴⁴. Si la loi n'emploie pas explicitement l'expression de « personne non suspecte », elle fait référence à la personne contre laquelle il n'existe pas d'« indices de culpabilité »⁴⁵. Si ce prélèvement est effectué à l'initiative du procureur du Roi, il ne pourra intervenir que moyennant l'accord de cette personne⁴⁶. Si le prélèvement est ordonné par le juge d'instruction, la contrainte pourra être employée et, outre le même critère de gravité des faits de l'affaire que pour les personnes suspectes⁴⁷, le juge devra disposer d'indices que la personne visée présente un lien direct avec l'instruction judiciaire⁴⁸. Le profil ADN de cette personne non suspecte ne sera pas transmis aux banques nationales de données ADN, que le prélèvement soit effectué à l'initiative du procureur du Roi ou du juge d'instruction⁴⁹.

D. Les dispositions concernant l'IAG devant la juridiction de jugement et la création de la cellule nationale

La procédure d'identification par analyse génétique devant la juridiction de jugement est désormais explicitement prévue par la loi⁵⁰. Le tribunal peut ainsi, dans l'intérêt de la

⁴⁴ Voy. *a contrario* la définition de personne suspecte au sens de la loi du 7 novembre 2011. Selon cette loi, la personne contre laquelle il existe des « indices de culpabilité » dans la commission des faits de l'affaire dont le procureur du Roi ou le juge d'instruction est saisi, mais également dans la commission de faits similaires pour le seul procureur du Roi, peut faire l'objet d'un prélèvement d'un échantillon ADN de référence. Si l'expression « personne suspecte » n'est pas explicitement utilisée, c'est bien de cela dont il s'agit (Voy. Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 4 et 6). La loi du 7 novembre 2011 précise que la personne contre laquelle ces « indices de culpabilité » n'existent pas

⁴⁵ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 5 et 7. Ces articles font référence aux personnes qui ne sont pas visées par les articles 44^{quinq} et 90^{undecies} du Code d'instruction criminelle. Or, dans les articles 44^{quinq} et 90^{undecies} du Code d'instruction criminelle tels que modifiés par la loi du 7 novembre 2011 il est fait référence aux personnes contre lesquelles il existe des « indices de culpabilité » que l'on peut qualifier de « personne suspecte ».

⁴⁶ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 5.

⁴⁷ Les faits dont le juge d'instruction est saisi doivent être punissables, comme pour le prélèvement ayant lieu sur une personne suspecte, d'une peine maximale de cinq ans d'emprisonnement ou d'une peine plus lourde (Voy. Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 7).

⁴⁸ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 7.

⁴⁹ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 5 et 7.

⁵⁰ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *op. cit.*, pp. 23-41.

manifestation de la vérité, sur réquisition du procureur du Roi, sur requête d'une des parties ou d'office, inviter le procureur du Roi à requérir un juge d'instruction aux fins d'établissement d'un profil ADN de traces découvertes, prélèvement d'un échantillon de référence sur le prévenu ou une autre personne et comparaison des profils ADN⁵¹.

Par ailleurs, une cellule nationale est créée auprès du ministère public. Cette cellule a pour mission la coordination des activités assujetties à la centralisation et à la gestion des numéros de code ADN qu'elle attribue à chaque échantillon de référence⁵².

E. Les modifications des dispositions relatives aux banques de données ADN

La banque de données ADN « Criminalistique » contient toujours les profils ADN des traces découvertes. S'y ajoutent les profils ADN des échantillons prélevés sur des personnes ayant conduit à un résultat positif suite à une comparaison avec des profils de traces découvertes dans le cadre de l'affaire concernée⁵³. Les profils des échantillons prélevés sur une personne feront l'objet d'une comparaison unique avec les profils enregistrés dans la banque de données « Criminalistique » et n'y seront enregistrés qu'en cas de lien positif^{54,55}. Les modalités et la durée de conservation restent semblables à ce que prévoyait la loi du 22 mars 1999, à ceci près que l'effacement au bout de trente ans des profils non identifiés est désormais automatique. L'effacement suite à une décision judiciaire coulée en force jugée⁵⁶ pour les profils identifiés reste, lui, soumis à l'ordre du ministère public⁵⁷. Il est également prévu l'effacement immédiat

⁵¹ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 8 et 9.

⁵² Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 12.

⁵³ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 13.

⁵⁴ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *op. cit.*, pp. 23-41.

⁵⁵ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, articles 4 et 6.

⁵⁶ La loi du 7 novembre 2011 utilise l'expression de décision judiciaire « coulée en force de chose jugée » alors que la loi du 22 mars 1999 utilisait celle de « passée en force de chose jugée ». Les deux expressions font référence à la même situation juridique en vertu de laquelle une décision judiciaire n'est plus susceptible de recours.

⁵⁷ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 13.

du profil ADN d'une personne ayant fait l'objet d'un acquittement ou d'un non-lieu coulé en force de chose jugée et des données y relatives^{58,59}.

Concernant les profils enregistrés dans la banque de données « Condamnés », outre ceux des personnes condamnées pour certaines infractions à une peine d'emprisonnement ou à une peine plus lourde ou pour lesquelles une mesure d'internement a été ordonnée, s'ajoutent ceux des personnes condamnées à une peine de travail⁶⁰. Par ailleurs, la liste des infractions pour lesquelles l'enregistrement des profils ADN dans la banque de données « Condamnés » est prévu est étendue⁶¹. Il est précisé que la tentative desdites infractions donne également lieu à enregistrement⁶². Les profils ADN et les données y relatives sont effacés automatiquement (et non plus sur ordre du ministère public) non plus dix ans après le décès de la personne qu'ils concernent⁶³ mais trente ans après leur enregistrement, sauf fixation d'un délai plus court par le magistrat compétent⁶⁴. L'effacement est également prévu lorsque, ayant formé opposition, le condamné ou l'interné est acquitté du chef des infractions qui justifient l'enregistrement de son

⁵⁸ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 13.

⁵⁹ Bertrand Renard et Inès Gallala précisent que cette disposition fait suite à l'arrêt *S & Marper c. Royaume-Uni* de la Cour européenne des droits de l'homme (Voy. B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *op. cit.*, pp. 23-41). Dans cette affaire, les requérants avaient saisi la Cour européenne des droits de l'homme pour dénoncer la conservation de leurs empreinte digitales, échantillons cellulaires et profils génétiques, après qu'une décision d'acquittement pour l'un et de classement sans suite pour l'autre des poursuites menées à leur encontre aient été rendues. La cour précise que le caractère général et indifférencié du pouvoir de conservation des empreintes digitales, échantillons biologiques et profils ADN appliqué aux requérants, en l'espèce, ne traduit pas un juste équilibre entre les intérêts publics et privés concurrents en jeu. Elle ajoute que l'Etat défendeur a outrepassé toute marge d'appréciation acceptable en la matière. Dès lors, la conservation en cause s'analyse en une atteinte disproportionnée au droit des requérants au respect de leur vie privée et ne peut passer pour nécessaire dans une société démocratique (Voy. Cour eur. D.H., *S. & Marper c/ Royaume-Uni*, requêtes n°30562/04 et 30566/04, 4 décembre 2008, §§ 3 et 125).

⁶⁰ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 14.

⁶¹ La liste des infractions conduisant à un enregistrement dans la banque de données « Condamnés », issue de la loi du 22 mars 1999, visait avant tout les atteintes graves aux personnes. Il est toutefois apparu opportun au législateur de la loi du 7 novembre 2011 de pouvoir vérifier l'existence de liens entre les profils enregistrés dans la banque de données « Criminalistique » et une population plus large de condamnés. Les pratiques d'autres pays avaient en effet mis en lumière le fait que des profils génétiques de traces provenant de dossiers de vols avec effraction sont régulièrement reliés à des dossiers plus graves (vols avec violence, viols...) (Voy. en ce sens A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, p. 1141).

⁶² Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 14.

⁶³ L'effacement des profils ADN de la banque de données « Condamnés » dix ans après le décès des personnes qu'ils concernent, tel que prévu par la loi du 22 mars 1999, était inapplicable en pratique en raison de l'impossibilité pour le ministère public et le gestionnaire de la banque de données d'être informés du décès de ces personnes, sauf à que ces décès surviennent en détention ou pendant l'internement. C'est pour cette raison que la loi du 7 novembre 2011 a modifié ces dispositions (Voy. A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, p. 1149).

⁶⁴ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 14.

profils ADN ou lorsque la décision de condamnation ou d'internement est annulée à la suite d'une procédure en révision.⁶⁵.

F. L'intégration du cadre Prüm en droit belge et la traçabilité des données ADN au sein des laboratoires

La loi du 7 novembre 2011 insère des dispositions relatives aux échanges de données indexées ADN pouvant avoir lieu avec des points de contact étrangers, en vue d'effectuer des consultations et des comparaisons automatisées de profils d'ADN⁶⁶. La législation belge est ainsi mise en conformité avec le Traité de Prüm du 27 mai 2005⁶⁷ et les décisions Prüm du 23 juin 2008⁶⁸.

Enfin, il est prévu que les laboratoires peuvent conserver les données relatives aux analyses ADN qu'ils réalisent au moyen d'un archivage électronique, pour assurer une traçabilité à des fins judiciaires, sans pouvoir les utiliser pour procéder à des comparaisons entre dossiers, l'INCC étant le seul organisme autorisé à le faire⁶⁹.

G. Les dispositions d'exécution issues de l'arrêté royal du 17 juillet 2003

Un arrêté royal du 17 juillet 2003 a été adopté aux fins de permettre l'exécution de la loi du 7 novembre 2011⁷⁰. Il prévoit principalement des dispositions relatives à la gestion des lieux de

⁶⁵ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 14.

⁶⁶ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 20.

⁶⁷ Traité du 27 mai 2005 entre le Royaume de Belgique, la République fédérale d'Allemagne, le Royaume d'Espagne, la République française, le Grand-Duché de Luxembourg, le Royaume des Pays-Bas et la République d'Autriche relatif à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme, la criminalité transfrontalière et la migration illégale (document 10900/05), Bruxelles, 7 juillet 2005, disponible à l'adresse <https://data.consilium.europa.eu/doc/document/ST-10900-2005-INIT/en/pdf>.

⁶⁸ Décision 2008/615/JAI du Conseil du 23 juin 2008 relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière, *J.O.*, L 210, 6 août 2008, disponible à l'adresse <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/ALL/?uri=celex%3A32008D0615> et Décision 2008/616/JAI du Conseil du 23 juin 2008 concernant la mise en œuvre de la décision 2008/615/JAI relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière, *J.O.*, L 210, 6 août 2008, disponible à l'adresse <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/fr/TXT/?uri=CELEX:32008D0616>.

⁶⁹ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011, article 21.

⁷⁰ Arrêté royal du 17 juillet 2013 portant exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et fixant la date d'entrée en vigueur de la loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 12 août 2013.

commission des infractions et au traitement des pièces à conviction et des traces découvertes. Il détaille également les modalités de prélèvement d'un échantillon de référence sur une personne. L'arrêté royal fixe les règles relatives à la composition, au statut et à l'organisation de la cellule nationale et celles concernant la destruction des traces découvertes et des échantillons de référence. En outre, il réglemente le processus d'agrément des laboratoires d'analyse ADN, le contrôle des données ADN et la gestion des banques de données ADN.

III. Les modifications législatives ultérieures sur des sujets particuliers

A. **La loi du 30 novembre 2011 relative à l'amélioration de l'approche des abus sexuels et des faits de pédophilie dans une relation d'autorité**

La loi du 30 novembre 2011 vise à modifier la législation belge en ce qui concerne l'amélioration de l'approche des abus sexuels et des faits de pédophilie dans une relation d'autorité⁷¹. Les dispositions de cette loi relatives aux analyses ADN prévoient que si, dans le cadre d'un dossier d'attentat à la pudeur ou de viol, le procureur du Roi ou le juge d'instruction décide de ne pas faire établir de profil ADN de traces ou d'un échantillon de référence découverts ou prélevés lors de l'exploitation corporelle de la victime, il fournit à ce sujet des explications à la victime à la fin de l'information ou de l'instruction.

B. **La loi du 21 décembre 2013 visant à la création de la banque de données ADN « Personnes disparues » et les modifications apportées par la loi du 9 avril 2017**

La loi du 21 décembre 2013 crée une nouvelle banque de données « Personnes disparues ». La « personne disparue » y est définie comme la personne dont la disparition est considérée comme inquiétante par le procureur du Roi⁷². La possibilité pour le procureur du Roi, moyennant l'accord écrit d'un membre de la famille d'une personne disparue, d'ordonner un prélèvement sur ce membre de la famille, est prévue. Ledit membre de la famille peut être un ascendant, un descendant, ou un collatéral. Des modalités concernant la validité de l'accord de ce membre de

⁷¹ Loi du 30 novembre 2011 modifiant la législation en ce qui concerne l'amélioration de l'approche des abus sexuels et des faits de pédophilie dans une relation d'autorité, *M. B.*, 20 janvier 2012.

⁷² Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 30 janvier 2014, articles 2 et 5.

la famille sont précisées tout comme les modalités de prélèvement et de suivi de celui-ci⁷³. Il est en outre précisé que l'analyse ADN et la comparaison de profils ADN peuvent être effectuées afin de permettre d'identifier directement ou indirectement des personnes décédées inconnues ou de faciliter la recherche de personnes disparues et non plus seulement dans le cadre de procédures pénales pour identifier des personnes impliquées dans la commission d'une infraction, lever des soupçons pesant sur d'autres ou prouver leur innocence⁷⁴. Enfin, des dispositions relatives à la nouvelle banque de données ADN « Personnes disparues » sont détaillées. Cette banque de données contient les profils de traces de personnes disparues ou de dépouilles mortelles non identifiées mais également les profils d'échantillons de référence de membres de la famille d'une personne disparue. L'effacement de ces profils et des données y relatives de la banque de données intervient, sur ordre du ministère public, lorsque leur conservation n'est pas ou plus utile, ou bien automatiquement trente ans après leur enregistrement. Le membre de la famille dont le profil ADN a été enregistré dans la banque de données « Personnes disparues » peut également demander au procureur du Roi d'ordonner la destruction immédiate de son profil ADN et des données y relatives⁷⁵.

La loi du 9 avril 2017⁷⁶ modifie les dispositions relatives à la banque de données « Personnes disparues » principalement d'un point de vue terminologique. Elle emploie l'expression de « parent ou allié d'une personne disparue » pour désigner les membres de la famille pouvant faire l'objet d'un prélèvement, étant précisé que ladite expression fait désormais également référence, outre l'ascendant, le descendant, le collatéral, à l'autre parent biologique d'un enfant.

C. La loi du 17 mai 2017 visant à la création de la banque de données ADN « intervenants » et les difficultés qu'elle soulève

⁷³ Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 30 janvier 2014, article 4.

⁷⁴ Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 30 janvier 2014, article 6.

⁷⁵ Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 30 janvier 2014, article 9.

⁷⁶ Loi du 9 avril 2017 modifiant la loi du 21 décembre 2013 en ce qui concerne la création d'une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 4 mai 2017.

La loi du 17 mai 2017 vise principalement à créer une nouvelle banque de données ADN « Intervenants »⁷⁷. L'objectif de la création de cette banque de données est de déceler les éventuelles contaminations afin qu'elles n'aient pas de répercussions négatives sur les enquêtes et que les intervenants concernés ne soient pas liés à des traces criminalistiques⁷⁸. La loi du 17 mai 2017 définit ainsi le terme d'intervenant comme « la personne qui, par sa fonction et en cette qualité est associée directement ou indirectement à la recherche de traces, à l'analyse, ou au traitement des traces découvertes ». Elle précise aussi que la « contamination » correspond à la « présence d'ADN provenant d'intervenants ». Elle détaille les modalités d'enregistrement des profils ADN des intervenants dans la banque de données ainsi que les règles entourant le prélèvement d'un échantillon de référence les concernant. Il est précisé que le procureur fédéral ordonne le prélèvement d'un échantillon sur l'intervenant sans qu'il soit précisé si ledit prélèvement peut avoir lieu sous la contrainte ou seulement suite à l'accord de la personne concernée⁷⁹. L'effacement des profils ADN des intervenants de la banque de données a lieu soit d'office sur ordre du ministère public, soit à la demande de l'intervenant, lorsque leur conservation dans la banque de données n'est pas ou plus utile, et au maximum cinquante ans après leur enregistrement⁸⁰. La loi indique enfin que le Roi détermine les intervenants ou catégories d'intervenants dont le profil ADN est enregistré. Il faut toutefois relever qu'aucun arrêté royal n'a été pris en vue de l'exécution de cette loi de sorte que la banque de données « Intervenants » n'est à ce jour pas opérationnelle.

⁷⁷ Loi du 17 mai 2017 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, en vue de créer une banque de données ADN « Intervenants », *M. B.*, 31 mai 2017.

⁷⁸ B. RENARD, « Banque Nationale de données génétiques en Belgique : les enjeux d'une construction progressive » in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, op. cit., p. 147.

⁷⁹ Ladite loi est donc imprécise et elle est perçue négativement par les intervenants qui pourraient être concernés en ce qu'elle semble associer l'intervenant à un suspect ou à un condamné (Voy. B. RENARD, « Banque Nationale de données génétiques en Belgique : les enjeux d'une construction progressive » in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, op. cit., p. 151).

⁸⁰ La durée de conservation durant cinquante ans, prévue par la loi du 17 mai 2017, se heurte à l'incompréhension des intervenants qui pourraient être concernés par l'enregistrement de leurs profils dans la banque de données « Intervenants ». En effet, les évolutions législatives successives ont conduit à un alignement de la durée de conservation à trente ans pour la plupart des profils ADN et ils estiment donc que le délai de cinquante ans n'est pas justifié, d'autant qu'il dépasse largement celui des condamnés. B. RENARD, « Banque Nationale de données génétiques en Belgique : les enjeux d'une construction progressive » in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, op. cit., p. 155.

BIBLIOGRAPHIE

Législation

Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999

Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 mars 2002

Traité du 27 mai 2005 entre le Royaume de Belgique, la République fédérale d'Allemagne, le Royaume d'Espagne, la République française, le Grand-Duché de Luxembourg, le Royaume des Pays-Bas et la République d'Autriche relatif à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme, la criminalité transfrontalière et la migration illégale (document 10900/05), Bruxelles, 7 juillet 2005

Décision 2008/615/JAI du Conseil du 23 juin 2008 relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière, *J.O.*, L 210, 6 août 2008

Décision 2008/616/JAI du Conseil du 23 juin 2008 concernant la mise en œuvre de la décision 2008/615/JAI relative à l'approfondissement de la coopération transfrontalière, notamment en vue de lutter contre le terrorisme et la criminalité transfrontalière, *J.O.*, L 210, 6 août 2008

Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011

Loi du 30 novembre 2011 modifiant la législation en ce qui concerne l'amélioration de l'approche des abus sexuels et des faits de pédophilie dans une relation d'autorité, *M. B.*, 20 janvier 2012

Arrêté royal du 17 juillet 2013 portant exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et fixant la date d'entrée en vigueur de la loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 12 août 2013

Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 30 janvier 2014

Loi du 9 avril 2017 modifiant la loi du 21 décembre 2013 en ce qui concerne la création d'une banque de données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 4 mai 2017

Loi du 17 mai 2017 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, en vue de créer une banque de données ADN « Intervenants », *M. B.*, 31 mai 2017

Cour eur. D.H., *S. & Marper c/ Royaume-Uni*, requêtes n°30562/04 et 30566/04, 4 décembre 2008

Doctrine

JOSEPH, C. M. « Forensic biology: a passport for biological evidence » in *Crime Scene Management within Forensic Science - Forensic Techniques for Criminal Investigation*, Springer, 2022

KAUR L. et SHARMA G. S., « Forensic DNA analysis: a powerful investigative tool », in *Crime Scene Management within Forensic Science - Forensic Techniques for Criminal Investigation*, Springer, 2022

LERICHE A. et VANDERMEERSCH D., « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *Rev. dr. pén.*, 2012/12

RENARD B., « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », thèse de doctorat, 2008

RENARD B. et GALLALA I., « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 2016

RENARD B., « Banque Nationale de données génétiques en Belgique : les enjeux d'une construction progressive » in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, Éditions de la maison des sciences de l'homme, 2021

TEPER L., « La justice pénale » in *Manuel d'introduction au droit : tour d'horizon en quinze leçons*, Éditions Politeia, Bruxelles, 2023

La loi ADN en pleine mutation : entre (r)évolution spontanée et altération des droits humains ?

En adoptant la loi du 7 mars 2024, le législateur entend tenir compte des « nouvelles réalités » en matière de génétique forensique, tout en favorisant une meilleure exploitation des banques de données ADN en matière pénale – le but étant de « produire des résultats à court terme » sur le terrain, pour réformer ultérieurement en profondeur le cadre légal.

Dépassant largement l'objectif affiché, le législateur a apporté tambour battant, pour ne pas dire dans la précipitation, des changements coperniciens à la loi du 22 mars 1999, axée exclusivement sur l'identification des individus au départ de la comparaison de profils ADN établis sur la base de séquences génétiques non-codantes. Les techniques de phénotypage, la recherche familiale et le recours aux marqueurs de lignée sont dorénavant autorisés, sous certaines conditions. Parallèlement, le législateur adopte des mesures qui, s'appuyant notamment sur la prévention et la lutte contre les violences sexuelles, visent à augmenter drastiquement le potentiel des banques de données ADN, entre autres via l'enregistrement des profils ADN et la conservation des échantillons biologiques.

Les grandes lignes de la réforme sont exposées dans le présent article, en ce compris sous leurs aspects scientifiques. Une attention particulière est réservée aux garanties mises en place par le législateur pour limiter les atteintes aux droits humains, mis particulièrement sous tension par cette réforme.

Introduction

01. – Le recours à l'expertise génétique à des fins de poursuite et de recherche des infractions est encadré, pour l'essentiel, par la loi du 22 mars 1999 *relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*¹ (ci-après la « loi ADN », sans indication de sa date) ainsi que par le Code d'instruction criminelle, plus spécialement ses articles 44^{ter} à 44^{octies}, 90^{undecies} et 90^{duodecies}. Déjà « modernisée » en 2011², cette réglementation vient d'être remaniée en profondeur, apportant des changements que l'on peut qualifier de coperniciens, non sans mettre sous haute tension certains droits humains et libertés fondamentales.

02. – Adoptée le 29 février dernier et entrée en vigueur le lendemain, à l'exception de quelques dispositions³, la loi du 7 mars 2024 *modifiant le code d'instruction criminelle, la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale et la loi du 5 août 1992 sur la fonction de police*⁴ (ci-après la « loi ADN du 7 mars 2024 ») vise à permettre l'exploitation par la justice pénale des « possibilités d'expertises ADN », qui ont « fortement évolué ces [vingt] dernières années »⁵. Cela étant, l'auteur du projet de loi, le ministre de la Justice, entend avant tout « aller de l'avant » en autorisant « dès maintenant » un ensemble de

¹ M.B., 20 mai 1999.

² Loi du 7 novembre 2011 *modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale* (ci-après la « loi ADN du 7 novembre 2011 »), M.B., 30 novembre 2011.

³ Il s'agit des articles 2, d) et e), 4, a), 6, 1^o, 8, c), 10, c), d), e) et f), 15, 20 et 21 de la loi ADN du 7 mars 2024, ayant tous trait aux « banques internationales de données ADN ». Cette notion devait être définie ultérieurement par un arrêté royal délibéré en Conseil des ministres, après consultation de la Commission d'évaluation d'analyse ADN. Ces dispositions sont entrées en vigueur le 24 mars 2024 suite à la publication de l'arrêté royal du 24 mars 2024 *portant désignation des banques internationales de données ADN [...]*, M.B., 2 avril 2024.

⁴ M.B., 14 mars 2024.

⁵ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 21.

pratiques et de techniques susceptibles de « produire des résultats à court terme »⁶, laissant délibérément pour plus tard d'autres initiatives dont la mise en œuvre nécessite davantage de ressources sur les plans techniques et financiers notamment^{7/8}.

03. – Ces changements coperniciens apportés par la loi du ADN du 7 mars 2024 font l'objet du présent article qui, vu l'ampleur de la réforme, n'a pas la prétention d'être exhaustif. Ils ne peuvent être pleinement compris qu'en tenant compte du dispositif dans lequel ils viennent s'insérer, ce qui implique de rappeler préalablement son organisation autour des quatre banques nationales de données dites « ADN » (I). Le premier changement copernicien consiste dans la suppression de la distinction entre les parties « non-codantes » et « codantes » de l'ADN, le législateur revenant sur le choix posé en 1999 d'exclure ces dernières du champ de la réglementation. Cet élargissement de la perspective conduit notamment le législateur à encadrer la technique du phénotypage (II), qui permet de recourir à l'expertise ADN pour déterminer les caractéristiques des individus dont le matériel est soumis à l'analyse. Parallèlement, il autorise dans certaines conditions les recherches dites « familiales » (III). Se basant le cas échéant sur des « marqueurs de lignées », ce type de techniques a pour objet l'identification indirecte de personnes, par le biais des liens de parenté biologique que celles-ci ont avec des individus dont le profil ADN a déjà été établi dans le cadre d'autres affaires pénales. Par ailleurs, le législateur impose, pour certains faits de violences sexuelles, l'établissement systématique et l'enregistrement de profils ADN Y-STR, qui sont des marqueurs de lignées identiques (ou presque) pour les individus masculins partageant une même parenté biologique. Le législateur de 2024 a parallèlement apporté les adaptations nécessaires à la loi ADN pour tenir compte de la réforme du droit pénal sexuel (IV). Le quatrième changement copernicien porte sur les échantillons de référence qui sont dorénavant conservés et non plus détruits après l'établissement des profils de référence, ce qui doit permettre de soumettre éventuellement ce matériel riche en information à de nouvelles expertises. Certains délais de conservation ont, par ailleurs, été sensiblement allongés en ce qui concerne les échantillons provenant de traces découvertes dans le cadre d'affaires pénales (V). Une dernière modification de la loi ADN concerne l'échange international de données, qui se trouve considérablement renforcé. Ce point ne sera toutefois pas abordé dans le présent article.

04. – De manière générale, pour chacun de ces points, l'attention sera attirée sur le caractère novateur des modifications intervenues ainsi que leur *ratio legis*, avant de les expliciter plus en détail. Il s'agira alors, entre autres, de mettre en lumière les garanties que le législateur de 2024 a prévu pour limiter les abus et les dérives, tout en portant un premier regard critique sur la forte mise sous tension des droits humains et libertés fondamentales que cette réforme induit.

I. L'organisation des banques de données ADN et leur fonctionnement

⁶ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 22.

⁷ Le ministre de la Justice fait notamment référence à la création d'une banque de données ADN « Inculpés » ou, encore, l'extension de la banque de données ADN « Condamnés » (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 22).

⁸ Le ministre de la Justice avance également, pour défendre la nécessité d'adopter le projet de loi, qu'en l'absence de réforme « la Belgique prendra du retard par rapport aux pays voisins dont la législation a déjà évolué » (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 21). Cet argument de droit comparé n'est, en soi, guère convaincant à défaut de justifier les mesures attentatoires aux droits humains et libertés fondamentales qui y sont contenues. Il en va de même de la tentative du ministre de tirer argument de *cold cases* résolus à l'étranger en recourant à de nouvelles techniques ADN (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 21). Il se contente, en effet, de mentionner deux séries d'affaires néerlandaises qui, si elles ont reçu une large couverture médiatique, ne représentent qu'une infime fraction du nombre d'affaires traitées par la justice pénale.

05. – Le dispositif mis en place par la loi ADN s’organise autour de quatre banques de données ADN, qui sont alimentées et utilisées par les acteurs de la justice pénale. Confiée à l’Institut national de criminalistique et de criminologie (ci-après l’ « INCC »)⁹, leur gestion relève de la responsabilité du gestionnaire des banques nationales de données ADN (ci-après « le gestionnaire »)¹⁰. Pour donner un ordre d’idées sur l’importance prise par ce dispositif et son évolution, les banques de données ADN contiennent actuellement quelque 155.0000 profils ADN¹¹ - leur nombre ayant plus que doublé en l’espace de dix ans¹².

06. – Créée en 1999, la banque de données ADN « Criminalistique »¹³ contient deux catégories de « profils ADN »^{14/15}. Les uns sont établis au départ de « traces découvertes » dans le cadre d’affaires pénales¹⁶ alors que les autres concernent des personnes à l’encontre desquelles existent des « indices de culpabilité » – ou, pour le dire autrement, des suspects. Pour cette seconde catégorie de profils ADN, l’enregistrement au sein de la banque de données ADN « Criminalistique » exige l’existence d’un « lien positif » – c’est-à-dire une correspondance parfaite ou presque – avec le profil ADN d’une ou plusieurs traces découvertes dans le cadre des affaires pénales en question¹⁷ ou avec un ou plusieurs profils ADN contenus dans les banques de données ADN. Les profils ADN de suspects sont établis sur la base d’échantillons de référence que sont les bulbes pileux ou les cellules buccales ou de sang prélevés à cet effet sur les personnes en question¹⁸ – à l’initiative du procureur du Roi ou du juge d’instruction¹⁹. A ces deux catégories de profils ADN dits « autosomiques », viennent s’y ajouter, depuis la réforme de 2024, des profils ADN Y-STR et ADNmt – ce point étant développé ultérieurement²⁰.

⁹ Art. 44ter, 5°, C.i.cr.

¹⁰ Art. 44ter, 6°, C.i.cr.

¹¹ En sus du profil ADN, d’autres informations qui lui sont liées sont enregistrées dans les banques nationales de données ADN. Elles ont trait à l’enquête pénale elle-même, à l’échantillon analysé et éventuellement à la personne qui en est à la source, à l’expertise et aux résultats de celle-ci ou, encore, au traitement de ces informations au niveau de banques de données ADN, nationales, étrangères ou internationales.

¹² INCC, *Banques nationales de données ADN. Rapport annuel DIS 2022*, s. éd., s.l., octobre 2023, p. 5

¹³ Art. 4, § 1^{er}, loi ADN.

¹⁴ La loi ADN définit le profil ADN comme le « code alphanumérique spécifique à chaque individu et établi à partir de séquences du patrimoine génétique » (art. 2, 1°).

¹⁵ Sur les informations contenues dans cette banque de données, voy. plus spéc. art. 4, § 1^{er}, al. 2, loi ADN.

¹⁶ Art. 4, § 1^{er}, al. 2, 1°, loi ADN. Les profils de trace sont établis à la discrétion du magistrat, par décision motivée (art. 44quater, § 1^{er}, C.i.cr.). Ces traces sont recueillies sur les scènes d’infractions. Il s’agit également de prélèvements effectués lors d’explorations corporelles (M.-A. BEERNAERT, D. VANDERMEERSCH et H.-D. BOSLY, *Droit de la procédure pénale*, 9^e éd., La Charte, Bruges, 2021, pp. 644 et 645). En revanche, la disposition précitée exclut expressément les traces découvertes de personnes disparues et de dépouilles mortelles non identifiées, lesquelles sont reprises dans la banque de données ADN « Personnes disparues » (art. 4bis, § 1^{er}, loi ADN).

¹⁷ Art. 4, § 1^{er}, al. 2, 2°, loi ADN.

¹⁸ Art. 2, 2°, loi ADN.

¹⁹ Dans le cadre de la phase préliminaire du procès pénal, le procureur du Roi et le juge d’instruction disposent, en partie, de pouvoirs identiques ou similaires. Il y a lieu, à ce niveau, de rappeler notamment l’article 56, § 1^{er}, al. 3, du Code d’instruction criminelle, suivant lequel le juge d’instruction peut poser lui-même les actes qui relèvent de la police judiciaire, de l’information et de l’instruction. Aussi, dans le cadre du présent article, le terme « magistrat » est utilisé pour les désigner, de manière indifférenciée. On s’écarte toutefois de cette ligne lorsque sont évoquées des prérogatives qui sont spécifiques à l’un ou à l’autre. Concernant le recours à l’expertise génétique, le juge d’instruction peut, seul, ordonner la réalisation de prélèvements sous la contrainte sur des personnes suspectes (art. 90undecies, C.i.cr.) ou non, mais qui ont un lieu direct avec l’instruction judiciaire (art. 90duodecies, C.i.cr.). Par contre, dans le cadre de l’exécution de la peine, le procureur du Roi est seul chargé des prélèvements effectués, si nécessaire sous la contrainte, en vue de l’enregistrement des profils ADN dans la banque de données ADN « Condamnés » (art. 5ter, loi ADN).

²⁰ Voy. *infra*, n° 16 et s.

En plus des modifications apportées en 2024, le législateur est intervenu à deux reprises depuis la création de la banque de données ADN « Criminalistique »²¹ pour augmenter les hypothèses dans lesquelles il peut être procédé à l'enregistrement de profils ADN d'échantillons de référence²² et pour étendre l'exploitation qui peut être faite de son contenu²³.

Ces changements législatifs vont de pair avec une utilisation de plus en plus intensive du dispositif en pratique. La banque de données ADN « Criminalistique » compte actuellement quelque 80.000 profils ADN. Pour la seule année 2022, 3.726 profils ADN de traces y ont été enregistrés, ce qui représente une augmentation de plus de 10% en glissement annuel, ainsi que 1.082 profils ADN de suspects²⁴.

07. – Quant à la banque de données ADN « Condamnés », également créée par le législateur en 1999²⁵, elle contient le profil ADN de toute personne qui, pour avoir commis ou tenté de commettre²⁶ une des infractions visées dans la loi, a été condamnée définitivement à une peine de probation autonome, à une peine de travail, à une peine de surveillance électronique, à une peine d'emprisonnement ou à une peine plus lourde²⁷. La liste des incriminations reprise dans la loi est assez longue, couvrant notamment les violations graves du droit international humanitaire, des actes de terrorisme, des atteintes volontaires à l'intégrité physique, des agressions sexuelles ou, encore, des infractions en matière de stupéfiants²⁸. Dans les mêmes conditions, le profil ADN des individus ayant fait l'objet d'une mesure d'internement pour avoir commis une des infractions visées dans la loi, est repris dans la banque de données ADN « Condamnés »²⁹. Ces différents profils ADN sont spécifiquement établis en vue de leur enregistrement dans le dispositif en question³⁰ ou lui sont communiqués par les laboratoires qui

²¹ Pour l'essentiel, par la loi ADN du 7 novembre 2011. Voy. égal. la loi du 21 décembre 2013 *modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 [...] en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues »*, (ci-après la « loi ADN du 21 décembre 2013 »), *M.B.*, 30 janvier 2014.

²² Le prélèvement d'un échantillon de référence sur un suspect peut être réalisé sur toute personne ayant atteint l'âge de seize ans, et non plus sur les seuls majeurs. (art. 44quinquies, § 1^{er}, al. 1^{er}, C.i.cr.).

²³ Jusqu'à la réforme du cadre légal intervenue en 2011, le profil ADN de l'échantillon de référence d'une personne suspecte, enregistré dans la banque de données ADN « Criminalistique » en cas de lien positif avec celui d'une trace découverte dans le cadre du dossier pénal, n'était pas comparé d'office avec le contenu de ce dispositif, mais uniquement sur décision motivée du magistrat (art. 4, § 1^{er}, al. 2, loi ADN, dans sa version antérieure à la loi du ADN du 7 novembre 2011).

²⁴ INCC, *Banques nationales de données ADN. Rapport annuel DIS 2022*, s. éd., s. l., octobre 2023, pp. 5 et 6.

²⁵ Art. 5, loi ADN.

²⁶ Art. 5, § 1^{er}, al. 4, loi ADN.

²⁷ Sur les informations contenues dans cette banque de données ADN, en sus des profils ADN, voy. plus spéc. art. 5, § 1^{er}, al. 6 et 7, loi ADN.

²⁸ Ces infractions sont celles visées aux articles 136bis à 136septies, 137 à 141, 322 à 324ter, 347bis, 393 à 397, 400 et 401, 417/2 et 417/3, 417/7 à 417/22, 417/24, 417/25 à 417/38, 433quater/1 et 433quater/4 pour ce qui concerne l'infraction visée à l'article 433quater/1, 417/44 et 417/45, 428 à 430, 433sexies à 433octies, 467, al. 1^{er}, 471 à 475, 477sexies, 518, 531 et 532 du Code pénal, aux articles 77ter, 77quater et 77quinquies de la loi du 15 décembre 1980 *sur l'accès au territoire, le séjour, l'établissement et l'éloignement des étrangers*, ainsi qu'à l'article 2bis, § 3, b, et § 4, b, de la loi 24 février 1921 *concernant le trafic des substances [stupéfiants]*.

²⁹ Art. 5, § 1^{er}, al. 2, loi ADN. A s'en tenir au texte de la loi ADN, ne sont pas concernées les personnes faisant l'objet d'une mesure d'internement pour la tentative, et non la commission, de ces infractions (art. 5, § 1^{er}, al. 4, loi ADN, *a contrario*).

³⁰ Art. 5ter, loi ADN.

les ont dressés s'il apparaît, après consultation de la cellule nationale ADN³¹ qu'ils ont déjà été établis³².

Comme pour la banque de données ADN « Criminalistique », des modifications successives de la loi ADN ont conduit à augmenter sensiblement les hypothèses dans lesquelles un profil ADN est enregistré dans la banque de données « Condamnés »³³, diminuant dans la même mesure le seuil de fichage des déviants. La banque de données ADN « Condamnés » compte actuellement quelque 75.000 profils ADN. Pour la seule année 2022, 4.284 nouveaux profils ADN y ont été enregistrés, ce qui représente une augmentation de plus de 13% par rapport à l'année précédente³⁴.

08. – C'est par une loi datée du 21 mars 2013³⁵ que la banque de données ADN « Personnes disparues » est établie³⁶. Elle contient les profils ADN de dépouilles mortelles non identifiées et de traces découvertes de personnes disparues³⁷ - ou, plus exactement, dont la disparition est considérée comme inquiétante³⁸ par le magistrat³⁹. Elle comprend également, à des fins de comparaison, les profils ADN d'échantillons de référence d'individus qui leur sont biologiquement apparentés. Il s'agit de « parents » ou d'« alliés » de la personne disparue, c'est-à-dire d'ascendants, de descendants et de leur autre parent biologique ainsi que de collatéraux⁴⁰. Opérationnelle depuis l'année 2018, cette banque de données ADN comprend actuellement quelque 500 profils ADN.

09. – La création de la banque de données ADN « Intervenants »⁴¹ par le législateur en 2017⁴² doit permettre d'identifier plus aisément les cas de « contaminations » dans l'enquête pénale, par du matériel biologique qui lui est étranger⁴³. Ces personnes que l'on qualifie d'« intervenants » sont celles qui, de par leur fonction et en cette qualité, sont associées directement ou indirectement à la recherche de traces ainsi qu'à l'analyse et au traitement de celles qui sont découvertes⁴⁴. L'objectif poursuivi par le législateur par la mise en place de ce dispositif est double. Il s'agit d'éviter que les enquêtes pénales en question ne se trouvent « polluées » par des éléments qui lui sont extérieurs, ce qui pourrait conduire les acteurs de la justice pénale sur de fausses pistes ou les priver de certaines informations pertinentes. Il s'agit également de ne pas inclure dans la banque de données « Criminalistique » le profil ADN

³¹ La cellule nationale ADN a pour mission la coordination des activités assujetties à la centralisation et à la gestion des numéros de code ADN (art. 3bis, § 2, al. 1^{er}, loi ADN). Elle est intégrée au parquet fédéral et est placée sous l'autorité et la direction du procureur fédéral (art. 3bis, § 1^{er}, al. 1^{er}, loi ADN).

³² Art. 5bis, loi ADN.

³³ La liste des infractions conduisant à un enregistrement dans la banque de données « Condamnés », telle qu'établie par la loi du 22 mars 1999, visait avant tout les atteintes graves aux personnes. Elle a été sensiblement élargie par la suite, pour y intégrer les condamnations pour tentatives ou à des sanctions autres que les privations de liberté, à savoir les peines de travail, les peines de probation autonome et les peines de surveillance électronique. La liste des infractions s'est également allongée avec l'ajout d'infractions nouvelles, par exemple en matière de terrorisme, ou se prêtant davantage à l'établissement de corrélations entre dossiers répressifs, notamment dans le domaine de la criminalité organisée ou des stupéfiants.

³⁴ INCC, *Banques nationales de données ADN. Rapport annuel DIS 2022*, s. éd., s. l., octobre 2023, p. 5.

³⁵ Loi ADN du 21 décembre 2013.

³⁶ Art. 4 bis, § 1^{er}, loi ADN.

³⁷ Sur les profils ADN et autres informations contenus dans cette banque de données ADN, voy. art. 4bis, § 1^{er}, loi ADN.

³⁸ Art. 2, 12°, loi ADN.

³⁹ Art. 44ter, 9°, C.i.cr.

⁴⁰ Art. 2, 13°, loi ADN.

⁴¹ Art. 5quinquies, loi ADN.

⁴² Loi du 17 mai 2017 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 [...], en vue de créer une banque de données ADN « Intervenants », M.B., 31 mai 2017.

⁴³ Sur le contenu de cette banque de données, voy. art. 5quater, § 1^{er}, al. 2, loi ADN.

⁴⁴ Art. 2, 14°, loi ADN.

d'intervenants qui, par inadvertance, laissent des traces à l'occasion de l'accomplissement de leur mission. Pour éviter un tel fichage, le législateur a préféré créer une banque de données ADN qui leur est spécifique, plutôt que de les soumettre pour chaque affaire pénale à un nouveau prélèvement de matériel biologique en vue d'établir leur profil ADN et d'identifier les éventuels cas de contaminations⁴⁵.

Cette banque de données ADN n'est pas opérationnelle, sept ans après l'adoption de la loi qui la crée, à défaut d'arrêté royal fixant les intervenants ou catégories d'intervenants dont le profil ADN est enregistré⁴⁶.

10. – Au niveau du fonctionnement du dispositif, le gestionnaire - ou son délégué - est notamment chargé d'enregistrer dans la banque de données ADN « Criminalistique » les profils ADN des traces découvertes dans le cadre d'enquêtes pénales ainsi qu'en cas de lien positif avec ces derniers, des profils ADN des échantillons de référence des personnes suspectes dans le cadre de ces dossiers. Ces différents profils ADN sont alors comparés sous sa responsabilité avec ceux déjà enregistrés dans les différentes banques nationales de données ADN⁴⁷. Par ailleurs, le gestionnaire effectue la même opération de comparaison avec les profils ADN d'échantillons de référence d'individus pour lesquels aucun lien positif n'a été établi avec ceux des traces découvertes dans le cadre d'une enquête pénale, qui sont soit suspects⁴⁸, soit biologiquement apparentés à la personne à la source d'une trace découverte non identifiée⁴⁹ - ce que l'on désigne par l'expression de « recherche familiale ». Ces profils ADN ne sont toutefois enregistrés dans la banque de données ADN « Criminalistique » que pour autant qu'un lien positif soit établi à l'occasion de cette comparaison⁵⁰. Pour ce qui est des banques de données ADN « Condamnés » et « Personnes disparues », le gestionnaire compare de manière systématique les profils ADN des échantillons de référence et des traces découvertes qu'il y enregistre, avec le contenu des banques nationales de données ADN.

Le gestionnaire a également la compétence exclusive des échanges de données enregistrées dans les banques nationales de données ADN⁵¹ avec les points de contacts⁵² étrangers ou internationaux, en vue de la consultation ou de la comparaison automatisées de profils ADN⁵³. Dans cette perspective, il leur transmet notamment des profils ADN aux fins soit d'une enquête en matière d'infractions pénales⁵⁴, soit d'identification d'une personne décédée ou de recherche d'un individu disparu⁵⁵. Le magistrat compétent est informé en cas de lien positif établi suite à la comparaison.

II. L'utilisation de l'ADN « codant » et le recours au phénotypage

⁴⁵ Proposition de loi du 12 octobre 2016 *modifiant la loi du 22 mars 1999 [...]*, Doc. parl., Ch., sess. ord., 2016-2017, n° 54-2087/001, p. 3.

⁴⁶ Art. 5quinquies, § 1^{er}, al. 2, loi ADN.

⁴⁷ Art. 5quater, § 1^{er}, loi ADN.

⁴⁸ Art. 5quater, § 2, al. 1^{er}, loi ADN.

⁴⁹ Art. 44octies, § 1^{er}, loi ADN.

⁵⁰ Art. 5quater, § 2, al. 2, loi ADN.

⁵¹ Art. 8, § 1^{er}, loi ADN.

⁵² Art. 2, 7°, loi ADN.

⁵³ Art. 8, § 1^{er}, loi ADN.

⁵⁴ Art. 8, § 2, al. 1^{er} et 3, loi ADN.

⁵⁵ Art. 8, § 2, al. 1^{er} et 4, loi ADN.

11. – La première modification majeure apportée par la réforme de 2024 concerne l'un des piliers de la loi ADN, à savoir la distinction entre l'ADN dit « codant » et « non-codant »⁵⁶. Ce changement ouvre la voie à l'utilisation de techniques qui, directement ou non, permettent de caractériser en partie le phénotype des individus - c'est-à-dire certaines de leurs particularités physiologiques, morphologiques ou psychologiques, le cas échéant de nature héréditaire⁵⁷.

Cette exclusion absolue des séquences codantes pour l'établissement des profils ADN tient essentiellement, en 1999, à des considérations liées à la vie privée et familiale et, plus spécialement, au souci de ne pas porter atteinte de manière disproportionnée à cette liberté fondamentale⁵⁸. Le législateur a alors fait le choix de limiter le champ d'application de cet instrument juridique au recours à l'expertise ADN à des fins d'identification des individus, par l'établissement de correspondances entre des échantillons biologiques sur le plan génétique⁵⁹.

La suppression de cette exclusion des séquences codantes pour l'établissement des profils ADN est justifiée, lors des travaux préparatoires, exclusivement ou presque par des considérations d'ordre scientifique. Cette distinction n'apparaît pas être en phase avec la « nouvelle réalité scientifique »⁶⁰. En effet, le monde académique ne s'accorde pas sur la catégorisation de séquences ADN comme « codantes » ou « non-codantes »⁶¹. Plus fondamentalement, il tend à mettre en cause cette distinction, l'expression « non-codant » étant considérée comme « scientifiquement dépassé[e] »⁶².

Les avancées dans le domaine de la génétique montrent que des informations relatives à l'individu peuvent être tirées des séquences traditionnellement qualifiées de non-codantes. Par exemple, l'analyse de variations génétiques situées uniquement dans ces séquences peut permettre de déduire l'origine biogéographique d'une personne, des fréquences alléliques étant caractéristiques de certaines populations⁶³. On ajoutera à cet égard que de telles informations sont statistiquement corrélées à des séquences codantes, ce qui permet *a priori* de les associer indirectement, avec une certitude plus ou moins grande, à de telles données.

Interrogés sur la suppression de cette distinction, le Conseil d'État et l'Autorité de protection des données ne la jugent pas déraisonnable⁶⁴. Bien que ces organes émettent des doutes quant aux garanties prévues dans l'avant-projet de loi, l'Autorité de protection de données reconnaît la valeur ajoutée d'une analyse des séquences codantes, notamment, pour faciliter

⁵⁶ Le profil ADN est dorénavant défini comme le « code alphanumérique spécifique à chaque individu et établi à partir de séquences du patrimoine génétique », peu importe que celles-ci soient ou non codantes (art. 2, 1°, loi ADN et art. 44ter, 1°, C.i.cr.).

⁵⁷ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 15 et 17.

⁵⁸ Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, *Doc. parl.*, Ch., sess. 1996-1997, n° 49-1047/001, pp. 1 et 5. Les auteurs de la proposition de loi jugent notamment inacceptable que « la police judiciaire détienne des informations découlant de l'ADN codant [...], ces dernières relevant de la sphère strictement intime de l'individu (maladies héréditaires, caractéristiques physiques, etc.) » (p. 5). Le législateur de 1999 se contente alors d'encadrer l'exploitation de l'ADN non-codant, qui « suffit à lui seul pour identifier une personne » (p. 5), mais dont il doit parallèlement admettre que le rôle reste « largement inconnu » (p. 1).

⁵⁹ Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, *Doc. parl.*, Ch., sess. 1996-1997, n° 49-1047/001, pp. 2 à 4.

⁶⁰ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 43.

⁶¹ Le caractère « codant » ou non de l'ADN donne lieu à diverses interprétations, avant même l'adoption de la loi ADN du 22 mars 1999. C'est d'ailleurs en raison de cette difficulté qu'à l'époque, le législateur fait le choix de ne pas définir cette notion. Voy. B. RENARD, *Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale*, thèse de doctorat, Université catholique de Louvain, 2008, p. 59.

⁶² Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 15.

⁶³ D. BENER, « Allele Frequency Difference AFD-An Intuitive Alternative to FST for Quantifying Genetic Population Differentiation », *Genes*, 2019/10, n° 4.

⁶⁴ Avis de l'Autorité de protection des données (...), n° 55-3620/001, p. 247 ; avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, p. 118.

l'identification de victimes ou de parties de corps non identifiables et non reconnaissables⁶⁵ - sans étendre explicitement son raisonnement à la recherche et à la poursuite des infractions.

Prenant acte de cette « nouvelle réalité scientifique », le législateur opère un glissement dans sa manière d'encadrer le recours à l'expertise génétique en matière pénale. Suite à la réforme de 2024, la régulation n'a plus tellement pour objet le matériel qui est soumis à l'expertise, dès l'instant où l'ADN peut être exploité dans son intégralité, mais bien le type d'analyses qui est autorisé⁶⁶ ainsi que les hypothèses et conditions de leur utilisation – comme c'est le cas avec les techniques d'étude des SNP⁶⁷. Par comparaison avec les méthodes dites « classiques »⁶⁸, certains nouveaux modes d'expertise permettent l'exploitation d'une plus grande variété de données, notamment de nature phénotypique. Celles-ci peuvent contribuer à déterminer avec une précision plus ou moins grande certains aspects de l'apparence physique de la personne concernée (couleur des yeux, des cheveux ou de la peau ou, encore, propension à la calvitie ou aux tâches de rousseur), ses prédispositions à certaines maladies, ses traits psychologiques ou, encore, son origine biogéographique⁶⁹.

On notera, par ailleurs, que la possibilité d'établir en toute légalité des profils ADN sur la base de séquences dites « codantes » n'aura pas, dans l'immédiat, d'incidence sur les pratiques de terrain, sauf dans des cas plus particuliers. De manière générale, les analyses continueront à porter sur les séquences déjà utilisées en Belgique et à l'étranger, qui sont traditionnellement qualifiées de « non-codantes »⁷⁰.

12. – Comme le souligne l'exposé des motifs⁷¹, cette modification législative représente une véritable révolution, car elle marque un tournant par rapport à la *ratio legis* de 1999, dont la pierre angulaire était l'identification d'individus déterminés par la comparaison de profils ADN de traces découvertes ou d'échantillons de référence. Désormais, la loi ADN autorise également de recourir à l'expertise génétique pour orienter les enquêtes pénales sur base des caractéristiques physiques inférées de l'analyse du matériel biologique, c'est-à-dire à des fins d'investigation. Il s'agit donc de recourir à des techniques, non plus seulement pour « reconnaître » des individus, mais également pour les « connaître » en produisant à leur sujet des informations sur leur phénotype⁷².

Une autre raison pour justifier cette modification, plus subtile, est avancée dans l'exposé des motifs, à savoir une diminution du nombre de prélèvements effectués à des fins d'analyse génétique par les acteurs de la justice pénale. Le ministre postule qu'avoir connaissance d'une ou plusieurs caractéristiques phénotypiques de la personne à l'origine d'une trace découverte réduira le nombre de suspects et, dans la même mesure, de profils ADN à établir pour identifier cet individu⁷³. Cet argument n'est qu'à moitié convaincant. Comme pour d'autres problématiques, le ministre de la Justice se focalise uniquement sur le nombre d'expertises, en

⁶⁵ Avis de l'Autorité de protection des données (...), n° 55-3620/001, p. 247.

⁶⁶ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 15 et 16.

⁶⁷ Les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) sont des variations génétiques qui sont généralement caractéristiques de certaines populations. Leur analyse permet de déterminer l'origine biogéographique de la personne qui est la source du matériel expertisé, et d'émettre des conjectures concernant des caractéristiques physiques ou d'autres traits de cet individu.

⁶⁸ Il s'agit, pour l'essentiel, des analyses STR (Short Tandem Repeat), qui permettent de différencier les individus les uns des autres en fonction du nombre de répétitions de séquences génétiques spécifiques, situées *a priori* dans certaines régions non-codantes du génome.

⁶⁹ A. CANALES SERRANO, « Forensic DNA phenotyping: A promising tool to aid forensic investigation. Current situation », *Rev. Esp. Med. Legal*, 2020, vol. 46/4, pp. 183 à 190.

⁷⁰ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 16.

⁷¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 21.

⁷² Voy. en ce sens M.-N. VERHAEGEN, « L'identification par analyse génétique dans le système de preuve pénale belge : d'une réalité scientifique à la vérité juridique », in Chr. HENNAU-HUBLET et B.M. KNOPPERS (dir.), *L'analyse génétique à des fins de preuve et les droits de l'homme*, Bruxelles, Bruylant, 1997, p. 152.

⁷³ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 49.

évitant soigneusement d'aborder la question de leur caractère plus ou moins intrusif en termes de vie privée ou, encore, des alternatives à ce type de modes d'investigation.

13. – Soucieux de limiter les atteintes aux droits humains et libertés fondamentales, le législateur de 2024 entend encadrer strictement le recours aux techniques de phénotypage⁷⁴. Ne figurant pas dans la loi, ce dernier terme désigne, selon l'exposé des motifs, le « recensement des traits observables présélectionnés d'un individu sur base de l'ADN »⁷⁵ tels que la couleur de ses yeux. Comme il ressort en creux de cette définition, ces techniques n'impliquent pas nécessairement de procéder à l'analyse de séquences codantes du patrimoine génétique. Ainsi, l'origine biogéographique d'un individu peut être déterminée au départ d'une technique d'étude des SNP, qui ne sont pas nécessairement localisés dans des régions dites « codantes » de l'ADN⁷⁶.

Le recours à ces techniques de phénotypage ne peut être ordonné que pour des traces découvertes dans le cadre d'une enquête pénale, qui n'ont pas encore été identifiées. Il s'agit bien d'orienter les investigations. Par ailleurs, le législateur fixe une liste courte et exhaustive des caractères phénotypiques qui peuvent être déterminés en recourant à l'expertise génétique, à savoir la couleur des cheveux et celle des yeux ainsi que l'âge et l'origine biogéographique⁷⁷.

Une double condition de subsidiarité vient s'ajouter à ces limites quant au type de techniques autorisées par le législateur. Le magistrat ne peut y recourir qu'en l'absence de lien positif entre, d'une part, le profil ADN de la trace découverte dans le cadre de l'enquête pénale et, d'autre part, ceux des suspects pour les faits en cause ainsi que ceux enregistrés dans les banques de données ADN nationales, étrangères ou internationales⁷⁸. Par ailleurs, le recours à la technique du phénotypage ne peut être ordonné par le magistrat que de manière « subsidiaire à tout autre devoir d'enquête » et pour autant qu'elle ait un « caractère proportionnel eu égard au respect de la vie privée » de la personne concernée⁷⁹. La loi ADN prévoit expressément que sa décision doit être motivée sur ces deux derniers points⁸⁰. Ces dispositions constituent la réponse du législateur aux observations formulées tant par le Conseil d'Etat que par l'Autorité de protection des données, quant aux conditions inhérentes à toute ingérence au droit à la vie privée⁸¹.

14. – L'encadrement du recours aux techniques de phénotypage conduit à s'interroger sur leur plus-value au niveau de l'administration de la justice pénale. Cette question est importante, tant au vu des enjeux en termes de droits humains et de libertés fondamentales qu'au regard du principal argument avancé par le ministre de la Justice pour justifier une adoption rapide de l'avant-projet de loi, à savoir le souci d'autoriser « dès maintenant » un ensemble de pratiques et de techniques susceptibles de « produire des résultats à court terme »⁸².

Des doutes ont été exprimés quant à l'efficacité des techniques de phénotypage. Ils concernent notamment le degré de précision des résultats produits et de leur réelle utilité en pratique. Ainsi, selon les documents parlementaires, la fourchette d'âge établie sur la base d'un échantillon de sang ou de salive est donnée avec une marge de quatre ans et un degré de précision de 80 %. Dans un ordre d'idées similaires, le degré de précision pour la couleur des cheveux oscille entre

⁷⁴ Art. 44*quater*, § 5, C.i.cr.

⁷⁵ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 49.

⁷⁶ Voy. *supra*, n° 11.

⁷⁷ Art. 44*quater*, § 5, al. 1^{er}, C.i.cr.

⁷⁸ Art. 44*quater*, § 5, al. 1^{er}, C.i.cr.

⁷⁹ Art. 44*quater*, § 5, al. 2, C.i.cr. Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 50.

⁸⁰ Art. 44*quater*, § 5, al. 3, C.i.cr.

⁸¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 17 ; avis du Conseil d'Etat (...), n° 3620/001, pp. 119 et 120 ; avis de l'Autorité de protection des données (...), pp. 246 et 247.

⁸² Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 22.

74 et 93 %⁸³. L'intérêt de telles informations, dans le champ pénal, doit d'autant plus être relativisé qu'en pratique, elles ne sont pas nécessairement très discriminantes⁸⁴ ou qu'elles peuvent être obtenues dans nombre de cas par d'autres biais, tout en mobilisant moins de moyens - via des témoignages ou des images de caméras de surveillance, par exemple. Cela étant, d'aucuns considèrent, telle la Commission d'évaluation d'analyse ADN, que ce manque d'efficacité tient au moins pour partie à la frilosité du législateur, qui a fait le choix d'encadrer trop strictement le recours aux techniques de phénotypage⁸⁵.

Parallèlement, le recours à ce type d'expertises requiert, pour son opérationnalisation au niveau d'un système judiciaire, des investissements importants, notamment au niveau financier et sur le plan de la formation. Les laboratoires devront, par exemple, s'adapter et de nouveaux kits être conçus. Les acteurs de la justice pénale devront être formés et sensibilisés à ces nouvelles pratiques, que ce soit les enquêteurs, les conseillers forensiques ou, encore, les magistrats⁸⁶ - ce qui peut prendre un certain temps. Au-delà de la disponibilité des moyens budgétaires, il convient de s'interroger sur l'affectation optimale de ces derniers, plus spécialement dans un secteur marqué par le sous-financement chronique.

Si tel qu'encadré actuellement, le recours aux techniques de phénotypage devrait rester marginal, l'on ne peut tout à fait exclure que leur usage nourrisse des préjugés à l'égard de certains groupes ou de leurs membres. Il en va tout particulièrement ainsi pour les données indiquant les origines biogéographiques. Si aucune information obtenue n'est enregistrée dans les banques de données ADN⁸⁷, des statistiques pourraient être établies, et pourraient faire l'objet de lectures biaisées, d'interprétations diverses sans mise en contexte ou, encore, de récupérations politiques - points d'ailleurs soulevés lors des travaux préparatoires⁸⁸. On ne peut pas davantage exclure qu'au niveau même de l'enquête pénale, il y ait des biais dans le chef des acteurs de terrain, avec des répercussions négatives dans la conduite des investigations⁸⁹.

15. – De manière complémentaire, la loi ADN interdit expressément, depuis sa réforme de 2024, qu'un profil ADN contienne des informations permettant de connaître l'état de santé de la personne qui en est à la source ou sa prédisposition à des maladies héréditaires⁹⁰ - peu importe à cet égard que ce profil soit établi au départ d'un échantillon de référence ou d'une trace découverte⁹¹. Cette interdiction implique notamment que certaines séquences génétiques - dont le nombre ne va cesser de croître avec les avancées scientifiques - ne puissent pas être

⁸³ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 50.

⁸⁴ Rapport de la première lecture (...), n° 55-3620/003, p. 35. Voy. égal. J. VUILLE, *Ce que la justice fait dire à l'ADN (et que l'ADN ne dit pas vraiment). Étude qualitative de l'évaluation de la preuve par ADN dans le système judiciaire pénal suisse*, thèse de doctorat, Université de Lausanne, 2011, p. 389, qui fait remarquer à juste titre : « [Deux] individus peuvent être du même sexe, de la même taille, du même poids, avoir la même couleur de peau, de cheveux et de yeux, porter tous deux une alliance à la main gauche, cela n'en fait pas des jumeaux pour autant : l'un pourrait être bien plus âgé que l'autre, avoir un nez bossu et l'autre un nez droit, etc. Ils ne sont donc semblables que sur un nombre limité de facteurs considérés, leur caractère unique provenant d'éléments non décrits ».

⁸⁵ Commission d'évaluation d'analyse ADN, *Avis précédent le projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*, 11 octobre 2022, p. 2.

⁸⁶ Rapport de la première lecture (...), n° 55-3620/003, p. 3.

⁸⁷ Rapport de la première lecture (...), n° 55-3620/003, pp. 23 et 44, contrairement à ce que pourrait laisser penser une certaine lecture de l'article 44quater, § 5, al. 3, C.i.cr., dont le renvoi est aussi général qu'approximatif.

⁸⁸ Rapport de la première lecture (...), n° 55-3620/003, p. 18 et pp. 37 et 38.

⁸⁹ Rapport de la première lecture (...), n° 55-3620/003, p. 18. Voy. égal. R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, et F. TARONI, *Preuve par l'ADN. La génétique au service de la justice*, Lausanne, Presses polytechniques et universitaires romandes, 2013, p. 315.

⁹⁰ Art. 3, § 3, loi ADN. Dans cette disposition, le législateur utilise de manière inappropriée l'expression de « présence d'une maladie héréditaire » (nos accents).

⁹¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 16.

légalement utilisées pour déterminer les caractéristiques phénotypiques visées ci-avant mais, également, pour identifier un individu directement ou indirectement.

III. La « recherche familiale » et le recours aux marqueurs de lignée

16. – L'encadrement de la recherche dite « familiale » est la seconde modification majeure apportée par la loi ADN du 7 mars 2024. Ce type de techniques repose sur la comparaison de profils ADN, non pas pour établir directement l'identité de l'individu qui en est la source, mais pour identifier une ou plusieurs personnes qui lui sont biologiquement apparentées. Cette possibilité de recourir à l'expertise génétique pour orienter l'enquête pénale au travers de l'« environnement familial » des personnes concernées par les faits constitue une autre révolution dans la manière d'encadrer l'analyse ADN en matière pénale.

Dans certains cas, ce type de recherches implique d'analyser des spécificités sur le plan génétique dont l'exploitation aux fins de l'enquête pénale échappait, jusqu'à sa réforme en 2024, à la loi ADN. Ces méthodes particulières d'investigation reposent sur l'analyse soit du chromosome désigné par la lettre « Y », en raison de sa forme (ci-après le « chromosome Y »), soit sur l'ADN dit « mitochondrial », du fait de sa localisation dans les mitochondries de la cellule et non dans le noyau de celle-ci (ci-après l'« ADNmt »). L'ADNmt a pour caractéristique notamment d'être transmis à la personne uniquement par son ascendant maternel. Il en résulte qu'il est identique ou presque chez tous les membres d'une même lignée maternelle. Très concrètement, cela signifie que l'ADNmt d'un enfant présente une particulièrement grande similarité avec celui de sa mère. Quant au chromosome Y d'une personne, il a pour seule origine l'ascendant paternel. Il présente, en outre, également cette caractéristique de n'être présent que dans le chef des individus de sexe masculin. Il en résulte que le chromosome Y présente une très forte similarité chez tous les membres de sexe masculin appartenant à une même lignée paternelle⁹². L'ADNmt et le chromosome Y constituent ainsi ce qu'on appelle des « marqueurs de lignées », qui permettent d'établir, par la comparaison de profils ADN, des liens entre des individus biologiques apparentés.

17. – Le législateur entend, en encadrant le recours à la recherche familiale⁹³, mettre à disposition des acteurs de la justice pénale des techniques supplémentaires pour identifier indirectement les individus concernés par une enquête - en l'espèce par le truchement de membres de leur parenté biologique, *a priori* étrangers à l'enquête pénale en cours, mais dont on dispose déjà du profil ADN (le cas échéant ADNmt ou ADN Y-STR)⁹⁴. L'enjeu premier est donc d'augmenter le taux d'élucidation des affaires pour la résolution desquelles les acteurs de la justice pénale peuvent rencontrer des difficultés⁹⁵ - *cold cases* ou non. A cet égard, le ministre de la Justice met en avant les résultats encourageants au Royaume-Uni et aux Pays-Bas, qui ont autorisé la recherche familiale respectivement en 2003 et en 2016⁹⁶. En procédant à une

⁹² S. PALOMO-DIEZ et A. LOPEZ-PARRA, « Utility and applications of lineage markers: Mitochondrial DNA and Y chromosome », in H.R DASH, P. SHRIVASTAVA et J.A. LORENTE (dir.), *Handbook of DNA Profiling*, Singapore, Springer, 2021, pp. 329 à 361.

⁹³ Pour être exact, la loi ADN du 7 mars 2024 comble le vide législatif qui existait jusqu'alors en matière de recherche familiale. Ce type de techniques n'était ni interdit, ni encadré par la loi ADN. Il n'y était recouru que dans des cas très exceptionnels (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 29).

⁹⁴ Il s'agit du profil ADN constitué sur la base de séquences génétiques situées sur le chromosome Y, qui est spécifique aux hommes appartenant à la même lignée paternelle (art. 2, 1°/1, loi ADN et 44ter, 1°/1, C.i.cr.).

⁹⁵ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 21.

⁹⁶ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 29.

évaluation grossière au départ de données au caractère scientifique incertain, il soutient que le recours à ces techniques permettrait d'élucider quelque 20% des dossiers d'infractions sexuelles dont l'auteur ne peut être identifié en utilisant les méthodes classiques d'analyse génétique⁹⁷. De manière plus globale, le souci qui anime le ministre est avant tout de maximiser l'exploitation du contenu des banques de données ADN en matière pénale, en se gardant de tout investissement ou presque⁹⁸.

18. – Vu l'atteinte à la vie privée que représente ce type de recherches, le législateur de 2024 limite le recours à ces techniques à certaines hypothèses, tout en le soumettant au respect d'une série de conditions. Constituant un outil destiné à orienter les investigations, la recherche familiale ne peut être ordonnée que sur des traces découvertes dans le cadre de l'enquête pénale et uniquement si les personnes à la source ne sont pas encore identifiées^{99/100}. Le législateur introduit dans la loi une exigence de proportionnalité en limitant la recherche familiale à des faits d'une certaine gravité, à savoir les infractions qui, en cas de condamnation ou d'internement, sont susceptibles de donner lieu à l'enregistrement du profil ADN de leur auteur dans la banque de données ADN « Condamnés »¹⁰¹.

De manière similaire à l'encadrement des techniques de phénotypage, le recours à la recherche familiale est soumis à une double condition de subsidiarité - ou, pourrait-on également dire, de « nécessité ». D'une part, le profil ADN de la trace découverte doit avoir été comparé, sans permettre l'identification de la personne qui en est la source, avec les autres profils ADN de traces découvertes dans le cadre de l'enquête pénale et avec ceux enregistrés dans les banques de données ADN nationales, étrangères ou internationales¹⁰². D'autre part, aucun autre moyen d'investigation ne doit sembler, pour le dossier en question, suffire à la manifestation de la vérité¹⁰³. Cette condition d'« absolue nécessité »¹⁰⁴, pour reprendre les termes du ministre de la Justice, se double d'une exigence particulière en termes de motivation. Le magistrat doit préciser, dans la décision écrite qui ordonne le recours à une recherche familiale, les « circonstances particulières et spécifiques » de l'enquête pénale qui rendent « nécessaire » sa réalisation pour permettre l'identification de la personne qui est à la source de la trace découverte¹⁰⁵. Cela s'apparente à une exigence de proportionnalité, la décision de recourir à une recherche familiale ne pouvant être prise que pour autant qu'elle soit indispensable pour

⁹⁷ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 19 et 31.

⁹⁸ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 29.

⁹⁹ Plus spéc. art. 44ter, 3°/1, et art. 44octies, § 1^{er}, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹⁰⁰ Par ailleurs, la loi ADN ne permet de recourir à la recherche familiale que si le profil ADN de la trace découverte est d'une « qualité suffisante » pour procéder à ce type d'analyses (art. 44octies, § 1^{er}, al. 3, C.i.cr.). La présence de cette condition d'ordre technique, qui n'est pas autrement spécifiée, est d'autant plus étonnante que d'autres éléments, tels que les séquences génétiques à analyser et leur nombre, ne sont pas précisés alors qu'ils ont une incidence au niveau de la fiabilité des résultats. On rappellera à ce niveau que ce type de recherches se caractérise par la production d'un taux élevé de faux positifs et de faux négatifs (C.N. MAGUIRE, L.A. MCCALLUM, C. STOREY et J.P. WHITAKER, « Familial searching: A specialist forensic DNA profiling service utilising the National DNA Database to identify unknown offenders via their relatives – The UK experience », *Forensic Sci Int Genet.*, 2014, vol. 8/1, pp. 1 à 9). Il semble que l'ajout de cette condition dans la loi ADN vise avant tout à répondre à une observation formulée par l'Autorité de protection des données (n° 55-3620/001, pp. 260 et 261). Il est également précisé dans l'exposé des motifs que le magistrat devrait, avant d'ordonner une telle recherche, consulter l'INCC pour établir si cette condition est ou non remplie (n° 55-3620/001, pp. 57 et 58).

¹⁰¹ Art. 44octies, § 1^{er}, al. 1^{er}, loi ADN. Voy. égal. n° 07, concernant cette liste d'infractions.

¹⁰² Art. 44octies, § 1^{er}, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹⁰³ Art. 44octies, § 1^{er}, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹⁰⁴ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 55.

¹⁰⁵ Art. 44octies, § 1^{er}, al. 2, C.i.cr.

atteindre l'objectif concret qui est poursuivi, à savoir identifier l'auteur du profil ADN de la trace découverte, et uniquement si ce but ne peut pas être atteint par des mesures moins intrusives¹⁰⁶.

19. – Pour autant que ces conditions soient respectées, il peut être procédé à une recherche familiale. Celle-ci comporte deux phases, la seconde n'ayant pas lieu de manière systématique. Durant la première, seuls des profils ADN autosomaux sont exploités. Il n'est donc recouru aux profils ADNmt et ADN Y-STR que dans un deuxième temps, pour autant que ce soit dans l'intérêt de l'enquête pénale.

Ainsi, une fois ordonnée par le magistrat, le gestionnaire procède à l'exécution de la recherche familiale. Il compare le profil ADN autosomique de la trace découverte avec les profils ADN des échantillons de référence enregistrés dans les banques de données ADN « Criminalistique » et « Condamnés »¹⁰⁷, ce qui lui permet d'établir entre eux d'éventuels liens positifs. Ces derniers ne sont nécessairement que « partiels » puisqu'une comparaison systématique a déjà eu lieu en vue d'établir d'éventuelles correspondances parfaites (ou presque) préalablement à la recherche familiale et qu'elle n'a rien donné. Le gestionnaire ne va retenir, parmi ces liens positifs partiels, que ceux indiquant un hypothétique lien de parenté biologique étroit avec l'individu qui est à l'origine de la trace découverte. Le législateur de 2024 a limité, en effet, la recherche familiale à l'identification des personnes qui, du point de vue génétique, sont ses père ou mère, fils ou filles, ou frères ou sœurs¹⁰⁸. Cela étant, comme l'admet le ministre de la Justice, il existe un « risque réel » de correspondances faussement positives¹⁰⁹. La liste peut d'ailleurs compter plus d'une centaine de candidats¹¹⁰. Le gestionnaire va ensuite l'envoyer au magistrat, après avoir classés les liens positifs partiels en fonction du degré de « probabilité statistique » que les personnes concernées soient plus ou moins « effectivement apparenté[e]s » à l'individu qui est à la source de la trace découverte¹¹¹. Exploitant les « métadonnées » concernant les candidats, telles que le sexe, la date de naissance ou le lieu de résidence, le magistrat peut réduire la liste transmise à quelques individus – *a priori* aux alentours d'une dizaine¹¹², ce qui la rend exploitable aux fins de l'enquête pénale.

L'exploitation de cette liste doit ainsi permettre au magistrat d'orienter les recherches. Elle peut, par exemple, l'amener à concentrer ses efforts sur l'un ou l'autre des suspects et à recourir à d'autres moyens d'investigation tels qu'une perquisition pour chercher à établir les faits. Le magistrat peut également, et c'est la deuxième phase de la recherche familiale, ordonner l'établissement des profils ADN Y-STR et ADNmt d'une ou plusieurs personnes pour lesquelles il existe un lien positif partiel¹¹³.

¹⁰⁶ Cette obligation pour le magistrat d'inclure dans sa décision écrite les « circonstances particulières et spécifiques » de l'enquête qui rendent nécessaire une recherche familiale fait suite à l'avis de l'Autorité de protection des données (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 55, et avis de l'Autorité de protection des données (...), n° 55-3620/001, pp. 259 et 260).

¹⁰⁷ Art. 44ter, 3^o/1, C.i.cr.

¹⁰⁸ Art. 44ter, 3^o/1, C.i.cr. Le « matériel génétique » est partagé pour moitié par les ascendants et descendants et, en moyenne, à concurrence de deux tiers, par les membres d'une même fratrie (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 32 et 33).

¹⁰⁹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 33.

¹¹⁰ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 33.

¹¹¹ Art. 44octies, § 1^{er}, al. 4, C.i.cr.

¹¹² Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 34.

¹¹³ Art. 44octies, §§ 2 à 5, C.i.cr.

À cet égard, la loi ADN permet également au magistrat de requérir l'établissement des profils Y-STR ou ADNmt des traces découvertes dans le cadre de l'enquête pénale. Elle ne prévoit pas en tant que telle de conditions autres que formelles, à savoir une décision motivée précisant les circonstances de l'affaire justifiant le recours à ce type d'analyses¹¹⁴ - ce qui traduit *in fine* l'exigence d'une forme de proportionnalité. L'établissement des profils ADN Y-STR - et non ADNmt - constitue même une obligation lorsqu'il existe des indices sérieux de la commission d'au moins une des infractions de nature sexuelle listées par le législateur¹¹⁵.

Pour ce qui est de la liste qui lui a été transmise, le magistrat ordonne que soit établi, par un expert attaché à un laboratoire, le profil ADN Y-STR ou ADNmt, ou les deux, d'une ou de plusieurs personnes pour qui il existe un lien positif partiel avec le profil ADN autosomique de la trace découverte¹¹⁶. À cet effet, l'expert utilise le matériel biologique¹¹⁷ employé pour établir le profil ADN autosomique de ces individus et, s'il fait défaut, le magistrat peut ordonner un prélèvement d'échantillons de référence. Cette dernière opération obéit aux mêmes règles que celles prévues pour l'établissement du profil ADN autosomique¹¹⁸ si ce n'est qu'en plus, les personnes concernées doivent être préalablement informées de la finalité poursuivie - à savoir l'établissement du profil ADN Y-STR ou ADNmt en vue de leur comparaison¹¹⁹.

L'établissement des profils ADN Y-STR ou ADNmt de ces individus permet, une fois communiqués au gestionnaire, leur comparaison avec ceux de la trace découverte. En l'absence de concordance parfaite ou presque, les personnes en question vont pouvoir être exclues de la liste des liens positifs partiels et celle-ci s'en trouvera réduite. Dans le cas contraire, le magistrat aura la certitude absolue ou presque d'avoir identifié un des proches parents biologiques de l'individu qui est à l'origine de la trace, lui permettant d'orienter la suite de ses investigations, parfois de manière décisive. Le ministre de la Justice souligne à cet égard qu'une telle information est de nature à réduire la charge de travail à la fois des magistrats et des services de police¹²⁰. Par ailleurs, en cas de concordance, le gestionnaire compare les profils ADN Y-STR ou ADNmt des personnes concernées avec ceux déjà enregistrés dans les banques nationales de données ADN¹²¹ - les résultats ainsi obtenus étant à leur tour notifiés aux magistrats compétents¹²².

20. – De manière générale, le recours à la recherche familiale constitue une mesure attentatoire aux droits humains et libertés fondamentales. C'est certainement le cas pour ce qui est du droit au respect à la vie privée et familiale des personnes impliquées d'une manière ou d'une autre dans les affaires donnant lieu à l'utilisation de ces techniques.

Cela l'est encore davantage pour les individus qui y sont *a priori* étrangers, mais qui se trouvent impliqués en raison de leurs liens de parenté biologique réels ou hypothétiques avec ces

¹¹⁴ Art. 44quater, § 4, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹¹⁵ Art. 44quater, § 4, al. 2, C.i.cr. Sur ce point, voy. *infra*, n° 24.

¹¹⁶ Art. 44octies, § 2, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹¹⁷ Il s'agit, selon les termes de la loi, du matériel cellulaire, des échantillons de référence ou des échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN (art. 44octies, § 2, al. 2, C.i.cr.).

¹¹⁸ Art. 44octies, § 2, al. 1^{er}, C.i.cr. Le législateur procède également par renvoi aux règles relatives aux profils ADN autosomiques pour ce qui est de la transmission du résultat au magistrat, de la notification du résultat à l'individu concerné et de la contre-expertise (art. 44octies, § 4, C.i.cr.).

¹¹⁹ Art. 44octies, § 2, al. 3, C.i.cr.

¹²⁰ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 34.

¹²¹ Art. 44octies, § 3, al. 2, C.i.cr.

¹²² Art. 5quater, § 4, loi ADN, auquel renvoie l'art. 44octies, § 3, al. 2, C.i.cr.

personnes. Cette question a d'ailleurs été clairement soulevée devant la Commission de la justice notamment¹²³, sans recevoir d'éléments de réponse véritablement satisfaisants. La seule circonstance que le profil ADN (le cas échéant ADNmt ou ADN Y-STR) de ces individus soit déjà enregistré dans une banque de données ADN n'est pas en soi de nature à justifier cette atteinte à leur droit à la vie privée et familiale.

Parallèlement, l'enregistrement des profils ADN Y-STR et ADNmt, qui sont partagés par les membres appartenant à une même lignée, conduit à augmenter plus ou moins fortement la probabilité d'identification d'un individu déterminé en raison des seuls comportements passés de ses parents biologiques. Cette situation pose évidemment question en termes de risques de stigmatisation et de discrimination, d'autant plus que ces personnes entretiennent souvent des liens avec les autres des liens socioaffectifs étroits et, dans bien des cas, appartiennent à une même communauté de vie. On ne peut pas exclure que cet effet « boule de neige » se produise également au niveau de groupes bien plus larges. En ce compris si la loi ADN limite l'identification à des parents très proches sur le plan biologique, le recours aux techniques de recherches familiales pourrait avoir pour incidence une surreprésentation de certaines « populations » par l'effet combiné de facteurs tels que le taux de passage à l'acte, du type de criminalité, de variables propres au travail de la police ou du parquet ou, encore, des paramètres déterminant la sévérité de la réponse pénale¹²⁴.

On notera déjà, notamment sur le plan de l'égalité et de la non-discrimination, les questions que soulèvent l'alimentation différenciée des banques nationales de données ADN en profils Y-STR et ADNmt, qui sont par nature sexués¹²⁵.

IV. L'établissement et l'enregistrement des profils ADN Y-STR en cas de violences sexuelles

21. – Un autre changement paradigmatique apporté en 2024 dans la loi ADN est celui de l'établissement systématique de profils ADN Y-STR en cas de violences sexuelles ainsi que de leur éventuel enregistrement dans les banques de données ADN « Criminalistique » et « Condamnés »¹²⁶.

22. – Ces profils ADN Y-STR présentent deux caractéristiques qui, sur le plan de l'enquête pénale, les rendent particulièrement performants au niveau de l'identification directe ou non des personnes impliquées dans des dossiers de violences sexuelles. La première a déjà été exposée, dans la partie consacrée à la recherche familiale. Le profil ADN Y-STR est un marqueur de lignée, qui permet l'identification de parents biologiques. La deuxième caractéristique tient à sa dimension sexuée, puisque le chromosome Y n'est présent que dans le chef des individus masculins, comme on l'a déjà noté. Elle constitue un intérêt majeur en matière de violences sexuelles car, dans un certain nombre de cas d'agressions, les traces

¹²³ Rapport de la première lecture (...), n° 55-3620/003, p. 17.

¹²⁴ Dans un sens similaire, voy. not. E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : Des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, pp. 43 et 44.

¹²⁵ Voy. *infra*, n° 25.

¹²⁶ Par ailleurs, le législateur de 2024 intègre dans la loi ADN les adaptations rendues nécessaires suite à la réforme du droit pénal sexuel (loi du 21 mars 2022 *modifiant le Code pénal en ce qui concerne le droit pénal sexuel*, M.B., 30 mars 2022). Il s'agit, d'une part, d'apporter des modifications d'ordre terminologique, par exemple en substituant l'expression d'« atteinte à l'intégrité sexuelle » à celle d'« attentat à la pudeur ». Il s'agit, d'autre part, d'adapter les renvois aux articles du Code pénal suite à l'insertion dans ce dernier du chapitre I/1, « De l'atteinte à l'intégrité sexuelle, du voyeurisme, de la diffusion non consentie de contenus à caractère sexuel et du viol », et du chapitre IIIbis/1, « De l'abus de la prostitution ».

découvertes sont un mélange de matériel biologique provenant de l’auteur et de la victime, très souvent de sexes différents. L’exploitation de l’ADN autosomique peut s’avérer particulièrement difficile dans de telles circonstances car ce mode d’investigation ne permet pas de distinguer les composantes masculines et féminines. Elle l’est d’autant plus lorsque la quantité d’ADN de la victime est bien supérieure à celle, faible par ailleurs, de l’auteur. L’ADN de ce dernier peut, en effet, être indétectable ou quasi¹²⁷. À l’inverse, l’établissement de profils ADN Y-STR permet, en cas de trace mêlant le matériel provenant de personnes de sexes différents, de caractériser le profil ADN du contributeur masculin, en ce compris si son ADN n’est présent qu’en quantité très faible¹²⁸. Ce profil pourra, par ailleurs, être identifié indirectement si le profil ADN Y-STR de proches parents biologiques de sexe masculin est déjà enregistré dans les banques de données ADN « Criminalistique » ou « Condamnés ».

23. – L’établissement systématique de profils ADN Y-STR et leur enregistrement dans des banques de données ADN traduit la volonté du législateur de 2024 de lutter efficacement contre la criminalité en matière sexuelle¹²⁹. À cet égard, la nature et la gravité particulières des infractions sexuelles sont soulignées à plusieurs reprises dans les documents parlementaires, principalement pour justifier la limitation de la marge d’appréciation des magistrats ainsi que l’adoption de mesures spécifiques attentatoires aux droits fondamentaux. Sur ce point de la réforme, l’enjeu premier est, pour le législateur, d’augmenter le taux d’élucidation des faits de violences sexuelles¹³⁰. Le ministre de la Justice rapporte que, suivant des recherches menées en Allemagne, les auteurs d’abus sexuel n’auraient pas été identifiés dans 10% des dossiers analysés si les autorités n’avaient pas exploité les profils ADN Y-STR¹³¹. Il affirme également qu’en Belgique, dans 47% des dossiers d’infractions sexuelles pour lesquels aucun auteur n’est identifié, il y a suffisamment d’ADN que pour procéder à l’établissement d’un profil ADN Y-STR¹³². Parallèlement, le ministre a parfaitement conscience que les performances à ce niveau dépendent largement du volume de profils ADN Y-STR contenus dans les banques de données ADN, ce qui rend compte de sa volonté de voir systématisé le recours à ce type d’analyses et l’enregistrement des résultats ainsi obtenus¹³³.

Par ailleurs, le ministre de la Justice défend l’autorisation du recours à cette méthode en ce qu’elle permet de réduire plus rapidement et efficacement le nombre de personnes suspectes de la commission d’une infraction déterminée, diminuant ainsi le nombre d’individus qui auraient autrement dû se soumettre à des analyses ADN classiques¹³⁴. Elle semble, d’ailleurs, d’autant plus prometteuse que les évolutions des techniques utilisées permettraient de distinguer, les uns des autres, les parents au premier ou deuxième degré d’une même lignée masculine ou d’établir l’absence de parenté entre certains hommes¹³⁵.

24. – Dans une série d’hypothèses en matière de violences sexuelles, le législateur de 2024 instaure pour principe l’établissement de profils ADN Y-STR et leur enregistrement dans des banques de données.

¹²⁷ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 30.

¹²⁸ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 30.

¹²⁹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 37.

¹³⁰ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 31.

¹³¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 31.

¹³² Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 32.

¹³³ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 47 et 73.

¹³⁴ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 48.

¹³⁵ Exposé des motifs (...), 55-3620/001, p. 48, citant l’avis rendu sur l’avant-projet de loi par le centre médico-légal de l’UZ Leuven (sans autre référence).

Pour ce qui est des traces découvertes dans le cadre d'un dossier pénal, le magistrat requiert l'établissement d'un tel profil dès qu'il existe des « indices sérieux » qu'une des infractions reprises dans la loi ADN a été commise¹³⁶. Plus précisément, il s'agit du viol, de l'atteinte à l'intégrité sexuelle, du voyeurisme et de la diffusion non consentie de contenus à caractère sexuel¹³⁷, du proxénétisme¹³⁸, ainsi que d'infractions sexuelles impliquant des mineurs - l'approche d'un ou de mineurs à des fins sexuelles¹³⁹, leur exploitation sexuelle à des fins de débauche ou de prostitution, à l'exclusion de l'incitation ou de la publicité¹⁴⁰, de même que la production ou la diffusion d'images d'abus sexuel de mineurs¹⁴¹. Dans ces hypothèses, le magistrat ne dispose, à ce niveau, d'aucune latitude, peu importe les circonstances. Par ailleurs, il peut requérir un expert en vue de l'établissement de profils ADN Y-STR dans toute autre situation pour autant que « les circonstances de l'affaire [le] justifient » - celles-ci devant être précisées dans une décision motivée¹⁴². Aux mêmes conditions, il peut aussi ordonner que soit établi le profil ADNmt de traces découvertes dans le cadre de l'enquête pénale^{143/144}. Il peut s'agir de cas de violences sexuelles telles que visées ci-avant ou non, ou de toute autre infraction. Ces profils ADN Y-STR, ou ADNmt, d'une trace découverte, sont enregistrés dans la banque de données « Criminalistique »¹⁴⁵ et font l'objet d'une comparaison automatisée avec le contenu des banques de données ADN nationales¹⁴⁶.

Le législateur de 2024 a également modifié les règles concernant l'établissement des profils ADN des échantillons de référence que ce soit des personnes impliquées dans des dossiers de violences sexuelles, en tant que suspectes ou non, ou des individus condamnés ou internés pour de tels faits. Lorsqu'un magistrat ordonne le prélèvement d'un échantillon de référence sur personne contre laquelle il existe des indices de culpabilité quant à la commission d'une ou plusieurs des infractions sexuelles visées ci-avant, il fait systématiquement établir un profil ADN Y-STR¹⁴⁷, ce qui n'était pas le cas avant la réforme. Comme pour le profil ADN autosomique, l'expert le communique d'office au gestionnaire et ce dernier le compare à ceux déjà enregistrés dans les banques nationales de données ADN¹⁴⁸. Celui-ci l'enregistre dans la banque de données ADN « Criminalistique » en cas de lien positif établi avec un profil ADN de trace découverte dans le cadre de l'affaire¹⁴⁹ ou si, suite à la comparaison, est constatée une correspondance avec l'un de ceux figurant dans les banques nationales de données ADN¹⁵⁰. Le magistrat peut, par décision motivée enjoindre à l'expert de ne pas transmettre ces informations au gestionnaire pour comparaison et éventuellement enregistrement¹⁵¹. Pour ce qui est des personnes impliquées dans une enquête pénale sans être suspectes, les règles n'ont été modifiées par la loi ADN du 7 mars 2024 que sur deux points. D'une part, il est expressément prévu qu'un profil ADN Y-STR peut être établi et faire l'objet d'une comparaison¹⁵² - sans qu'aucune

¹³⁶ Art. 44quater, § 4, al. 2, C.i.cr.

¹³⁷ Art. 417/7 à 417/22, C. pén.

¹³⁸ Art. 433quater/1, C. pén., le cas échéant conjointement à l'article 433quater/4, C. pén.

¹³⁹ Art. 417/24, C. pén.

¹⁴⁰ Art. 417/25 à 417/38, C. pén.

¹⁴¹ Art. 417/44 et 417/45, C. pén.

¹⁴² Art. 44quater, § 4, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹⁴³ Art. 44quater, § 4, al. 1^{er}, C.i.cr.

¹⁴⁴ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 35.

¹⁴⁵ Art. 4, § 1^{er}, al. 2, 1°, loi ADN.

¹⁴⁶ Art. 5quater, § 1^{er}, loi ADN, l'art. 44quater, § 3, C.i.cr. étant applicable par analogie aux profils ADN Y-STR et ADNmt des traces découvertes (art. 44quater, § 4, al. 3, C.i.cr.).

¹⁴⁷ Art. 44quinquies, § 1^{er}, al. 2, 8° et § 4, 3°, C.i.cr. et art. 90undecies, § 1, al. 2, 9° et § 4, 3°, du même code.

¹⁴⁸ Art. 44quinquies, §§ 7 et 8, C.i.cr. et art. 90undecies, §§ 6 et 7, du même code.

¹⁴⁹ Art. 5quater, § 1^{er}, loi ADN.

¹⁵⁰ Art. 5quater, § 2, loi ADN.

¹⁵¹ Art. 44quinquies, §§ 7 et 8, C.i.cr. et art. 90undecies, §§ 6 et 7, du même code.

¹⁵² Art. 44sexies, § 2, C.i.cr. et 90undecies, § 3, du même code.

distinction ne soit faite suivant qu'il s'agisse ou non de violences sexuelles. D'autre part, lorsque la personne non-suspecte est la victime d'un viol ou d'une atteinte à l'intégrité sexuelle, le magistrat doit lui donner les explications sous-tendant sa décision s'il choisit de ne pas établir de profil ADN d'une trace ou d'un échantillon de référence découverts ou prélevés lors de son exploration corporelle¹⁵³. Concernant les personnes condamnées pour une ou plusieurs des infractions de nature sexuelle visées ci-dessus, leur profil ADN Y-STR vient dorénavant s'ajouter aux informations les concernant déjà enregistrées dans la banque de données ADN « Condamnés »¹⁵⁴. Il convient de s'interroger sur le sort du profil ADN Y-STR du condamné pour avoir tenté de commettre une infraction sexuelle. Le législateur a expressément prévu l'enregistrement du profil ADN autosomique des personnes condamnées tant pour avoir commis une de ces infractions que d'avoir tenté de la commettre. L'ambiguïté de la disposition relative à l'enregistrement des profils ADN Y-STR en cas de condamnation « pour une infraction sexuelle » conduirait *a priori* à ne pas les y inclure dans l'hypothèse d'un acte inachevé. Toutefois, une telle interprétation ne convainc pas vraiment. C'est d'autant plus le cas que, dans le texte de loi, cette disposition suit immédiatement celle relative à l'enregistrement des profils ADN autosomaux. L'incertitude persiste, cependant, à la lecture des travaux préparatoires, qui évoquent l'enregistrement du profil ADN Y-STR « en cas de condamnation pour infraction sexuelle »¹⁵⁵. Il convient de rappeler que cet enregistrement des profils ADN Y-STR en matière sexuelle est principalement motivé par le « contact physique »¹⁵⁶ que ces infractions impliquent, alors que ce dernier fait défaut dans nombre de cas de tentatives.

25. – L'imposition, dans une série d'hypothèses, de l'établissement de profils ADN Y-STR et de leur enregistrement dans des banques de données ADN, ne manque pas de poser question au regard du respect des droits fondamentaux. C'est notamment l'aspect systématique de ces opérations qui interroge, de même que leur proportionnalité au regard des exigences en matière de vie privée et de procès équitable.

La réforme adoptée par le législateur de 2024 repose sur le postulat que les violences sexuelles constituent, sans exception ou presque, des infractions d'une nature et d'une gravité toutes particulières, ce qui justifie qu'elles soient traitées de manière indifférenciée. Ce point pose d'autant plus question que, dans son avis, le Conseil d'Etat demande que soit justifiée l'identité des mesures prévues en cas de viol et d'atteinte à l'intégrité physique, au motif que cette dernière incrimination recouvre « une très grande variété de faits, qui (...) sont en principe moins graves que le viol »¹⁵⁷. En réponse à cette observation, le ministre de la Justice fait le choix de supprimer, sans avancer aucune justification convaincante¹⁵⁸, les distinctions entre les différentes infractions à caractère sexuel dorénavant reprises dans la loi ADN.

¹⁵³ Art. 44sexies, § 3, C.i.cr. et art. 90duodecies, § 4, du même code. Ces articles ont été introduits par la loi du 30 novembre 2011 *modifiant la législation en ce qui concerne l'amélioration de l'approche des abus sexuels et des faits de pédophilie dans une relation d'autorité*, M.B., 20 janvier 2012. Suite au constat que, dans certaines affaires d'abus sexuels, des traces étaient découvertes ou des échantillons prélevés sans être transmis à un expert pour en établir le profil ADN, le législateur a imposé que, dans des cas similaires, le magistrat motive sa décision de ne pas faire ordonner cette expertise et communique sa motivation à la victime (*Doc. parl.*, Ch., sess., n° 53-1639/001, pp. 11 à 13).

¹⁵⁴ Art. 5, § 1^{er}, al. 5, loi ADN.

¹⁵⁵ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 63 et 64.

¹⁵⁶ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 34 à 36.

¹⁵⁷ Avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, p. 122.

¹⁵⁸ Le ministre de la Justice soutient notamment qu'une telle distinction « n'a pas de sens ». Il explique à cet égard, de manière quelque peu alambiquée, qu'« une personne qui a été condamnée pour un viol ou une autre forme de violence sexuelle impliquant un contact physique peut également avoir été impliquée dans des infractions sexuelles moins graves dans le passé » (exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 36).

Dans le prolongement de ce constat, l'on doit admettre que l'établissement des profils ADN Y-STR et leur enregistrement dans des banques de données ADN ne sont pas nécessairement justifiés par les besoins de l'enquête pénale. Dans certains cas, ces mesures ne présentent d'ailleurs aucun intérêt à ce niveau. Par exemple, des personnes vont voir leur profil ADN Y-STR enregistré dans la banque de données ADN « Condamnés », le cas échéant après avoir subi un prélèvement à cet effet, pour des infractions dont la commission ne requiert aucun contact avec la victime. C'est le cas du voyeurisme ou de la diffusion non-consentie de contenus à caractère sexuel. Dans le même ordre d'idées, il n'y a dans certains cas de violences sexuelles aucune raison, à tout le moins pour les seuls besoins de l'enquête pénale, de procéder à l'établissement du profil ADN Y-STR et à sa comparaison. Dans certains dossiers, par exemple, les personnes impliquées sont clairement identifiées et les faits ne font l'objet d'aucune contestation, si ce n'est quant au consentement ou non de l'un des partenaires.

On doit également insister sur le caractère systématique de l'établissement des profils ADN Y-STR et leur enregistrement dans certaines hypothèses, qui est clairement assumé par le ministre de la Justice. Ce dernier entend priver, en effet, les magistrats de toute marge d'appréciation au motif que le législateur s'est lui-même déjà assuré, lors de l'élaboration de la loi, du respect des principes de proportionnalité et de nécessité¹⁵⁹. Les règles applicables en matière de droits fondamentaux s'en trouvent renversées. Le magistrat est tenu d'ordonner, sans aucune latitude ou presque¹⁶⁰, des mesures intrusives, en ce compris lorsque celles-ci ne présentent concrètement aucun intérêt pour l'enquête pénale en cours.

À l'aune de ces différents éléments, l'on peut se demander si l'objectif premier du législateur n'est pas la mise en place de dispositifs de contrôle des individus qui présentent un profil de risque, et ce, en raison de leur implication réelle ou supposée dans des infractions sexuelles dont la nature et la gravité sont très variables. Il s'agirait, au-delà éventuellement de l'identification de l'auteur dans un dossier particulier, de constituer une vaste collection de données supposées faciliter l'élucidation des cas de violences sexuelles futures. La circonstance que le ministre de la Justice ait décidé de ne pas tenir compte des observations, dont certaines particulièrement sévères, notamment du Conseil d'Etat et de l'Autorité de protection des données, rend d'autant plus interpellant les choix politiques qui ont été faits.

26. – Cette impression se trouve renforcée par les dispositions finales de la loi ADN du 7 mars 2024. On le sait, l'efficacité d'une banque de données dépend notamment de la richesse de son contenu. Aussi, la loi ADN de 2024 contient des mesures pour augmenter rapidement le nombre de profils ADN Y-STR enregistrés dans les banques de données ADN¹⁶¹. Plus précisément, il est prévu que soient systématiquement repris dans la banque de données « Criminalistique » tous les profils ADN Y-STR établis, avant l'entrée en vigueur de la loi ADN du 7 mars 2024, au départ de traces découvertes lors d'enquêtes pénales¹⁶². Lorsque ces profils ont été établis sur la base d'échantillons de référence prélevés sur des suspects, il revient au magistrat de prendre cette décision¹⁶³, et ce, pour autant que leur profil ADN autosomique soit déjà établi et enregistré dans la banque de données ADN « Criminalistique »¹⁶⁴. Ici, l'intervention d'un magistrat, qui décide au cas par cas, vise à s'assurer qu'un lien positif a bien été établi, par le

¹⁵⁹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001 pp. 46 et 48. Voy. égal. avis de l'Autorité de protection des données, (...), n° 55-3620/001, p. 269, pour une critique sévère des positions défendues par le ministre de la Justice.

¹⁶⁰ Voy. les hypothèses visées aux articles 44sexies, § 3, et 90duodecies, § 4, du Code d'instruction criminelle.

¹⁶¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 73, 74 et 75.

¹⁶² Art. 22, § 1^{er}, loi ADN du 7 mars 2024. Lire, dans la disposition, « 44quater » et non « 44quinquies » pour ce qui est de l'établissement de profils ADN Y-STR et ADNmt au départ de traces découvertes.

¹⁶³ Art. 22, § 2, al. 1^{er}, loi ADN du 7 mars 2024.

¹⁶⁴ Art. 22, § 2, al. 2, loi ADN du 7 mars 2024.

passé, entre ces profils et ceux de traces découvertes dans le cadre de l'enquête pénale ou repris dans les banques de données ADN¹⁶⁵. Le ministre de la Justice estime que, ce faisant, il ne s'agit « pas d'un élargissement de la banque de données, mais seulement d'un enrichissement d'informations déjà existantes »¹⁶⁶. Des règles similaires sont prévues pour les parents ou alliés de personnes disparues¹⁶⁷.

Vu l'ampleur du dispositif mis en place et son caractère particulièrement intrusif, la circonstance que les données collectées et traitées se rapportent exclusivement à des personnes de sexe masculin pose question au regard du principe d'égalité et de non-discrimination. Le risque que ce dernier soit violé est d'autant plus sérieux que le dispositif mis en place revêt clairement une dimension anticipatrice, qu'il ne se limite pas aux infractions qui ont justifié la collecte de ces données et, plus encore, que celles-ci doivent, dans certains cas, permettent l'identification de personnes n'ayant jamais été mises en cause pénalement - par le biais de la recherche familiale.

Les autres commentaires déjà formulés à propos des profils ADN Y-STR dans la partie consacrée à la recherche familiale conservent ici toute leur pertinence.

V. La conservation des échantillons

26. – La loi ADN du 7 mars 2024 vient modifier en profondeur les règles relatives à la conservation des traces découvertes et des échantillons de référence. Ces changements concernent également les échantillons qui « en dérivent », pour reprendre l'expression utilisée dans la loi, à savoir ceux effectivement utilisés par les experts pour en établir des profils ADN.

27. – De manière générale, le législateur de 2024 entend éviter la destruction du matériel biologique et, lorsqu'il fait l'objet d'une conservation, d'allonger la durée de celle-ci soit de manière automatique, soit en laissant ce choix à la discrétion du magistrat. L'enjeu est de pouvoir réaliser d'autres analyses, le cas échéant bien plus tard en recourant à de nouvelles techniques¹⁶⁸. La conservation du matériel biologique permet notamment de ne pas devoir effectuer un autre prélèvement sur la personne concernée. Cette dernière opération n'est pas toujours envisageable¹⁶⁹, par exemple en cas de décès de l'individu, et, lorsqu'elle est possible, sa réalisation implique la mobilisation plus ou moins importante de ressources humaines ou autres. La nécessité ou l'opportunité de procéder à de nouvelles analyses est loin de constituer une hypothèse marginale, notamment avec l'encadrement par la loi ADN de la recherche familiale lorsqu'est encore disponible le matériel utilisé dans un premier temps pour établir le profil ADN autosomique¹⁷⁰. Ce sont donc également des considérations d'ordre budgétaire qui ont conduit le législateur à organiser la conservation de certains échantillons ou d'allonger la durée de celle-ci¹⁷¹.

28. – Concernant les échantillons provenant de traces découvertes dans le cadre d'une enquête pénale, le délai de conservation de trente ans ne change pas en principe, mais le magistrat peut

¹⁶⁵ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 74.

¹⁶⁶ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 74.

¹⁶⁷ Art. 22, § 2, loi ADN du 7 mars 2024.

¹⁶⁸ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 37 et 38.

¹⁶⁹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 37 et 38 ainsi que pp. 39 et 40.

¹⁷⁰ Voy. *supra*, n° 19.

¹⁷¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 59.

dorénavant modifier ce terme sans que celui-ci ne puisse excéder quarante ans¹⁷². Aucune durée maximale n'est imposée par le législateur lorsqu'il s'agit d'infractions dites « imprescriptibles », visées à l'article 21*bis* du titre préliminaire du Code de procédure pénale¹⁷³. Cette solution s'impose, selon l'exposé des motifs, dès lors que le matériel biologique en question n'est pas encore identifié et qu'il concerne des faits pour lesquels l'action pénale ne se prescrit pas¹⁷⁴.

Jusqu'à la réforme de 2024, la loi ADN prévoyait des règles identiques pour trois catégories d'échantillons de référence (ainsi que ceux qui en dérivent), à savoir ceux prélevés sur les personnes suspectes, non suspectes, ou parentes ou alliées d'individus disparus. Ils devaient être détruits par l'expert au maximum six mois après avoir transmis le rapport sur l'exécution de sa mission au magistrat, ce dernier pouvant prolonger ce délai¹⁷⁵ - aucune durée maximale n'étant fixée dans le texte de la loi. Concernant les échantillons de référence des personnes non suspectes, la réforme n'apporte pas de modifications si ce n'est que le délai ne peut être prolongé au-delà de cinq ans et, comme le précise explicitement la loi ADN, « pour permettre d'autres analyses »¹⁷⁶. Pour ce qui est des échantillons de référence des alliés ou parents d'une personne disparue, le principe est inversé. La loi ADN prévoit dorénavant leur conservation en vue de nouvelles analyses tant que l'individu concerné n'a pas été retrouvé¹⁷⁷. Cette règle connaît toutefois deux limites. Ces échantillons doivent être détruits en cas de décision contraire motivée du magistrat ou si le proche du disparu, qui a fait l'objet du prélèvement, retire son consentement¹⁷⁸. Les modifications les plus importantes concernent les échantillons de référence des personnes suspectes (ainsi que ceux qui en dérivent). À ce niveau, la loi ADN opère une distinction. La première hypothèse est celle où aucun lien positif n'est établi par comparaison entre le profil ADN de l'individu concerné avec ceux enregistrés dans les banques nationales de données ADN¹⁷⁹ ou ceux établis, lors de l'enquête pénale, au départ des traces découvertes¹⁸⁰. Les échantillons sont détruits au plus tard six mois après la transmission par l'expert du rapport de sa mission au magistrat¹⁸¹, sans possibilité pour ce dernier de fixer un autre délai - ce qui est nouveau. Lorsqu'un tel lien positif est établi, les règles sont calquées dorénavant sur celles prévues pour les échantillons provenant de traces découvertes dans le cadre de l'enquête pénale. Le délai est en principe de trente ans à compter de leur transmission à l'INCC par l'expert, ce qu'il effectue dans les six mois de l'exécution de sa mission¹⁸². Par décision motivée, le magistrat peut ordonner une autre durée sans que celle-ci ne puisse dépasser quarante ans. Par ailleurs, la loi ADN précise, pour assurer la cohérence du dispositif, qu'en cas d'effacement du profil ADN d'une personne suspecte enregistré dans la banque de

¹⁷² Art. 44*quater*, § 1^{er}, al. 3, C.i.cr.

¹⁷³ Il s'agit de violations graves du droit international humanitaire (art. 136*bis* à 136*quater*, C. pén.), des assassinats et des meurtres commis pour faciliter le vol ou l'extorsion (art. 394 et 475, C. pén.) dans un cadre terroriste, d'infractions à caractère sexuel (art. 417/7 à 417/22, 417/24 à 417/38, 417/44 et 417/56, C. pén.), des mutilations génitales féminines (art. 409, C. pén.), ainsi que de la traite des êtres humains à des fins d'exploitation de la prostitution ou d'autres formes d'exploitation sexuelle (art. 433*quinquies*, § 1^{er}, al. 1^{er}, 1^o, C. pén.).

¹⁷⁴ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 45.

¹⁷⁵ Art. 44*quinquies*, § 9, 44*sexies*, § 2, 44*septies*, § 2, et 90*undecies*, § 8, et 90*duodecies*, § 3, C.i.cr., dans leur version antérieure à la réforme de 2024.

¹⁷⁶ Art. 44*sexies*, § 2, al. 2, et 90*duodecies*, § 3, al. 2, C.i.cr.

¹⁷⁷ Art. 44*septies*, § 2, al. 2, C.i.cr. Voy. exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, pp. 40 et 54.

¹⁷⁸ Art. 44*septies*, § 2, al. 2, C.i.cr.

¹⁷⁹ Art. 44*quinquies*, § 9, al. 2, C.i.cr., et art. 90*undecies*, § 8, du même code.

¹⁸⁰ Art. 44*quinquies*, § 9, al. 1^{er}, C.i.cr., et art. 90*undecies*, § 8, du même code.

¹⁸¹ Art. 44*quinquies*, § 9, al. 3, C.i.cr., et art. 90*undecies*, § 8, du même code.

¹⁸² Art. 44*quinquies*, § 6, al. 2 et 3, § 9, al. 1^{er} et 2, C.i.cr., et art. 90*undecies*, § 8, du même code.

données ADN « Criminalistique »¹⁸³, l'échantillon de référence y relatif est également détruit¹⁸⁴ (ainsi que ceux qui en dérivent). C'est notamment le cas lorsqu'une décision judiciaire coulée en force de chose jugée intervient dans le dossier en question ou, sur ordre du magistrat, lorsque la conservation du profil ADN ne présente plus d'utilité aux fins de la procédure pénale. Cette solution s'impose dès lors que le matériel biologique utilisé pour établir un profil ADN contient toute l'information attachée à ce dernier, et bien plus encore¹⁸⁵.

Quant à l'échantillon de référence prélevé en vue de l'enregistrement du profil ADN d'une personne dans la banque de données ADN « Condamnés », il devait, jusqu'à la réforme de 2024 être immédiatement détruit (ainsi que ceux qui en dérivent)¹⁸⁶. La loi ADN prévoit dorénavant sa conservation pendant trente ans au maximum, ce pour permettre la réalisation d'autres analyses sur ce matériel biologique. Le procureur du Roi peut ordonner, par décision motivée, un autre délai sans que ce dernier ne puisse excéder quarante ans^{187/188}.

29. – Enfin, la loi ADN prévoit, depuis sa réforme en 2024, que les échantillons de référence prélevés sur des personnes suspectes¹⁸⁹, condamnées ou internées¹⁹⁰ sont systématiquement transmis à l'INCC pour que cette institution en assure la conservation. Le matériel biologique relevait jusque-là de la seule responsabilité des experts qui s'étaient vus confier une mission d'expertise. Le législateur de 2024 justifie la centralisation de ces échantillons de référence au niveau de l'INCC par le souci de garantir la vie privée des personnes concernées, l'estimant mieux protégée de la sorte que dans l'hypothèse de leur conservation par différents laboratoires accrédités¹⁹¹. Si l'argument peut convaincre, l'on peut se demander pourquoi cette solution n'est pas généralisée à l'ensemble des échantillons, en ce compris ceux provenant de traces découvertes lors de l'enquête pénale - ceux-ci étant *a priori* conservés pendant trente années. Aussi, pour rendre opérationnelle cette règle, l'INCC est amené à se doter d'un service supplémentaire et d'une nouvelle expertise, ce qui pourrait prendre un temps plus ou moins long et exigera des moyens non négligeables.

30. – De manière générale, l'allongement des délais de conservation du matériel biologique poursuit un but à la fois déterminé et légitime, à savoir la réalisation d'analyses ADN complémentaires ultérieures. Les changements apportés par le législateur de 2024 n'en sont pas moins majeurs, au point que se pose avec acuité la question de leur proportionnalité. Ils concernent, au-delà des délais dont certains sont beaucoup plus longs, le matériel biologique, qui recèle bien davantage d'informations que les profils ADN eux-mêmes. La circonstance qu'aucune distinction ou presque ne soit opérée entre les échantillons¹⁹², par exemple, suivant la nature et la gravité des infractions en cause, rend ce questionnement aussi urgent que nécessaire. Cela étant, l'on doit constater que tant le Conseil d'Etat¹⁹³ que l'Autorité de

¹⁸³ Art. 4, § 2, al. 1^{er} à 3, loi ADN.

¹⁸⁴ Art. 4, § 2, al. 4, loi ADN.

¹⁸⁵ Sur ce point voy. avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, pp. 121 et 122; avis de l'Autorité de protection (...), n° 55-3620/001, p. 272.

¹⁸⁶ Art. 5ter, § 3, al. 3, loi ADN, dans sa version antérieure à la réforme de 2004.

¹⁸⁷ Art. 5ter, § 3, al. 4, loi ADN

¹⁸⁸ Par ailleurs, la loi ADN prévoit que le procureur du Roi ordonne le signalement de la personne condamnée si le prélèvement d'un échantillon de référence n'est pas possible en raison de sa disparition ou de sa fuite (art. 5ter, § 4, loi ADN).

¹⁸⁹ Art. 44quinquies, § 9, C.i.cr., et art. 90undecies, § 8, du même code.

¹⁹⁰ Art. 5ter, § 3, al. 4, loi ADN.

¹⁹¹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 38.

¹⁹² Voy. not. Cour eur. D.H., *S. et Marper c. Royaume-Uni*, 4 décembre 2008 et Cour eur. D.H., *M.K. c. France*, 18 juillet 2013.

¹⁹³ Avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, p. 121.

protection des données ne considèrent pas en soi ces nouvelles règles comme déraisonnables. Le second de ces organes s'est contenté, pour l'essentiel, d'insister sur les principes de légalité et de prévisibilité pour ce qui est du but poursuivi¹⁹⁴, ce dont le ministre de la Justice a tenu compte en procédant à une série de modifications, assez formelles faut-il l'admettre, du texte de loi¹⁹⁵.

31. - L'évolution des techniques génétiques dans le domaine forensique rendait indispensable la réforme de la loi ADN en termes de lutte contre la criminalité, notamment en matière de violences sexuelles. Cela étant, le processus législatif ayant conduit à l'adoption de la loi ADN du 7 mars 2024 a été mené dans une certaine précipitation, que rien ne semble justifier. La qualité du texte sur le plan légistique s'en ressent. Notamment, le législateur manque de précision sur nombre de points et, parallèlement, multiplie les renvois entre dispositions, rendant la réglementation indigeste, si ce n'est pour ceux qui la mobilise très régulièrement. La réforme aurait pu être l'occasion de rendre le texte de loi plus accessible. Il n'en est rien.

32. - Plus fondamentalement, la précipitation avec laquelle la réforme a été entreprise s'est faite au détriment d'une réflexion approfondie sur les enjeux éthiques et juridiques, notamment quant au respect des droits fondamentaux. Certes, certains acteurs tels que la Commission d'évaluation ADN ont été largement associés au processus législatif. Sa mission doit-on toutefois le souligner, est de rendre des avis au ministre de la Justice sur les questions « de nature scientifique et technique » en rapport avec l'analyse ADN, comme le reflète bien sa composition. Parallèlement, le sort réservé aux avis rendus par le Conseil d'Etat et l'Autorité de protection des données laisse songeur sur plusieurs points. Par exemple, lorsque la section de législation insiste sur l'absence de clarté du texte de l'avant-projet, et même son incohérence, sur un point aussi essentiel que la possibilité ou non d'utiliser l'ADN pour déterminer des caractéristiques physiques d'une personne¹⁹⁶, le ministre de la Justice se contente de revoir sa copie en autorisant le recours aux techniques de phénotypage, alors même qu'il avait expressément exclu ce mode d'investigation du champ de la réforme¹⁹⁷. Les enjeux autour de cette méthode n'ont ainsi fait, pour ainsi dire, l'objet d'aucune attention particulière, par un acteur extérieur, sur les plans éthique et juridique. De manière assez similaire, quand le Conseil d'Etat, pour ce qui est de l'établissement des profils Y-STR, souligne la différence de gravité entre le viol et la catégorie résiduelle de l'atteinte à l'intégrité sexuelle¹⁹⁸, la réponse du ministre consiste à élargir cette opération à un ensemble plus vaste d'infractions. De manière plus générale, l'on ne peut que constater, dans les documents parlementaires, le peu de considération portée à la dimension éthique du texte en projet et à ses implications au niveau des droits fondamentaux.

33. – Cette circonstance est peut-être liée aux objectifs initialement affichés par le ministre de la Justice, à savoir « produire des résultats à court terme » en laissant pour plus tard d'autres initiatives dont la mise en œuvre implique des ressources à la fois techniques et budgétaires¹⁹⁹. Sur ce dernier plan, l'on peut émettre des réserves. L'encadrement de nouvelles techniques, que ce soit celles en matière de phénotypage ou axées sur les marqueurs de lignée (profils ADN Y-STR et ADNmt), représente des coûts importants sur le plan technique, avec la nécessité de développer ou de mettre au point des nouveaux procédés, kits, logiciels, etc. Viendront s'y

¹⁹⁴ Avis de l'Autorité de protection des données (...), n° 55-3620/001, p. 271.

¹⁹⁵ Art. 44quinquies, § 9, 44sexies, § 2, al. 2, 44septies, § 2, al. 2, 90duodecies, § 3, al. 2, C.i.cr. et art. 5ter, § 3, al. 3, loi ADN.

¹⁹⁶ Avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, p. 119.

¹⁹⁷ Avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, p. 119.

¹⁹⁸ Avis du Conseil d'Etat (...), n° 55-3620/001, p. 119.

¹⁹⁹ Exposé des motifs (...), n° 55-3620/001, p. 22.

ajouter des besoins au niveau opérationnel, notamment avec la formation de l'ensemble des intervenants du système pénal qui sont concernés par ces nouvelles pratiques. D'autres mesures auront également un coût, par exemple la conservation par l'INCC d'échantillons biologiques sur de longues périodes.

34. – Ce constat est d'autant plus problématique que l'on peut douter que les changements apportés à la loi ADN feront la « différence » sur le terrain à brève échéance – ce point étant le premier argument avancé pour justifier l'adoption de la loi ADN du 7 mars 2024, dans l'attente d'autres modifications législatives. En effet, au-delà du temps nécessaire pour rendre opérationnel l'ensemble de la réforme, le recours à la technique du phénotypage ne sera décisif sur le plan de l'enquête pénale que dans de rares cas. On ne fera pas preuve de la même réserve pour ce qui est de l'utilisation des marqueurs de lignée, avec l'établissement des profils ADN Y-STR et ADNmt, dans le cadre de la recherche familiale ou en matière de violences sexuelles. Toutefois, l'efficacité de ces méthodes dépend pour partie de la richesse des banques de données ADN, qui ne contiennent pas encore de tels profils ADN. C'est d'ailleurs la raison sous-tendant l'adoption des dispositions finales de la loi ADN du 7 mars 2024, qui prévoit l'alimentation à marche forcée de ces dispositifs en profils Y-STR ou, plus que probablement, leur établissement systématique en matière de violences sexuelles, même en l'absence d'utilité pour l'enquête pénale. Un constat similaire peut être posé pour ce qui est de la conservation des échantillons biologiques sur de longues périodes. La justification première tient à la possibilité pour la justice pénale de pouvoir les soumettre à d'autres techniques, qui seront développées à l'avenir. S'il y a là un intérêt bien réel du point de vue de la forensique, celui-ci ne se concrétisera certainement pas dans l'immédiat.

35. – Chemin faisant, affichant le souci de produire des résultats immédiats à moindre coût, le législateur a modifié en profondeur la loi ADN, tout en évitant de se perdre (et de perdre trop de temps) dans des réflexions de nature éthique et juridique. Les changements sont coperniciens, et ce d'autant plus, si on les considère dans leur ensemble : aucune distinction n'est plus opérée entre les séquences génétiques suivant qu'elles sont codantes ou non, reléguant un peu plus au rang de l'histoire les craintes sur l'exploitation des informations génétiques ; les techniques de phénotypage sont dorénavant autorisées, marquant concrètement l'élargissement de l'utilisation de l'expertise ADN à des fins d'orientation de l'enquête pénale, et non plus uniquement d'identification ; l'encadrement de la recherche familiale et le recours aux marqueurs de lignée rompent avec l'approche jusqu'alors retenue, axée sur l'unicité génétique de la personne, pour permettre l'exploitation des liens biologiques entre individus, tant au niveau des proches parents que des populations elles-mêmes ; le principe, dans certaines hypothèses, de la collecte systématique des profils ADN et de la conservation d'échantillons biologiques tend à renforcer une dynamique d'accumulation d'informations, qui paraît de plus en plus s'affranchir des besoins des enquêtes qui justifient leur traitement initial.

36. – La précipitation ne justifie pas tout. La prévention des infractions et la lutte contre celles-ci n'ont plus. Les informations génétiques et leur support biologique sont des données personnelles particulièrement sensibles, touchant à la vie privée et familiale. Dans un Etat de droit, un juste équilibre doit être trouvé entre le pouvoir des autorités publiques et les libertés individuelles des citoyens. Une atteinte à un droit humain n'est justifiée que dans la mesure où, prévue par la loi, elle poursuit un but légitime et est nécessaire dans une société démocratique. L'on rappellera à cet égard que le seul enregistrement de données personnelles constitue déjà une ingérence dans le droit à la vie privée, au sens l'article 8 de la Convention européenne des

droits de l'homme²⁰⁰, et que cette même disposition impose de traiter de manière différenciée la conservation et l'exploitation des données biométriques suivant les circonstances, notamment pour éviter des phénomènes de stigmatisation ou la mise en place de dispositifs de surveillance trop intrusifs²⁰¹.

La circonstance que d'autres États européens aient déjà adopté des dispositifs similaires, au terme d'un processus démocratique mené avec sérieux, peut-on l'espérer, constitue la seule réelle garantie qui nous est offerte sur le plan de l'éthique et du respect des droits fondamentaux. À défaut de grives, on mange des merles... ce qui suffit à rassasier d'aucuns, parfois affamés.

²⁰⁰ Cour. eur. D.H., *Leander c. Suède*, 26 mars 1987.

²⁰¹ Cour. eur. D.H., *S. et Marper c. Royaume-Uni*, 4 décembre 2008.

Louvain-la-Neuve, le 23 octobre 2023,

A. - Introduction

§ 1. - Le présent document expose l'avis du Pre Sonja BITZER et du Pr Jean-Marc HAUSMAN, rédigé en collaboration avec Marie MORANDINI et Sarah HUGUES, concernant l'Avant-projet de loi *modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale*. Il lui est adjoint un projet d'*Exposé des motifs* (version « 2023.01.26 WL_DNA – clean »).

§ 2. - La référence du dossier attribuée par la Team Justice est la suivante : VVQ/2023/SG/054.

B. - Texte soumis à avis

§ 3. - Suivant l'*Exposé des motifs*, l'Avant-projet de loi vise à tenir compte des nouvelles « possibilités d'expertise ADN » dont « l'application nécessite une modification en profondeur de la loi » (p. 22). Pour étayer le propos, il est fait état d'affaires résolues à l'étranger à l'aide de ces techniques, plus spécialement aux Pays-Bas (p. 22).

§ 4. - Ceci étant, l'auteur du texte compte procéder en deux temps. Il n'entend réguler au travers de l'Avant-projet de loi qu'un « certain nombre de nouvelles possibilités » (p. 23), les autres devant faire ultérieurement « l'objet d'un examen plus approfondi » (p. 23). Le critère retenu pour faire le départ entre les unes et les autres est la faculté ou non de les « [mettre] en œuvre dans un délai relativement court », l'enjeu étant de « [pouvoir] produire des résultats à court terme » (p. 23). De manière générale, l'*Exposé des motifs* ne fait pas expressément état de considérations d'ordre éthique ou juridique.

§ 5. - Les principales propositions figurant dans l'Avant-projet de loi sont les suivantes :

- 1° « l'extension de l'échange automatique international de profils ADN aux banques internationales de données ADN gérées par des organisations européennes ou internationales, et à l'identification directe ou indirecte de personnes décédées inconnues et à la recherche de personnes disparues » (p. 23) ;
- 2° « la recherche familiale et l'établissement, l'enregistrement et la comparaison des profils Y-STR et des profils d'ADN mitochondrial » (p. 23) ;
- 3° « l'établissement systématique de profils Y-STR des traces découvertes, des suspects et des condamnés dans le cadre des dossiers d'agression sexuelle » (p. 23) ;
- 4° « une période de conservation plus longue pour l'échantillon de référence et les échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN » (p. 23) ;
- 5° « les modifications législatives nécessaires suite à l'adoption de la loi du 21 mars 2022 modifiant le Code pénal en matière de droit pénal sexuel » (p. 23).

C. – Demande d'avis

§6. – L'avis porte sur l'Avant-projet de loi communiqué par la Team Justice en février 2023 et non sur le texte approuvé en deuxième lecture, le 29 septembre 2023, par le Conseil des ministres. Ce dernier

document n'a été communiqué par la Team Justice que le 22 octobre en soirée, alors que la date fixée pour la remise du présent avis était le jour suivant. Par ailleurs, aucun texte intégrant les modifications en projet dans la réglementation actuellement applicable n'a été transmis, malgré des demandes en ce sens.

§ 7. - Deux questions sont posées par le Ministre de la justice. Le présent avis s'y limite.

§ 8. - Formulée de manière très générale, la première d'entre elles porte sur le caractère admissible ou non « dans une société démocratique de procéder à l'examen de caractéristiques génétiques d'une personne, autrement que sous la forme d'un code alphanumérique, à des fins [...] d'enquêtes pénales ». Il est demandé, par ailleurs, de préciser les « balises » dans l'hypothèse où la réponse à la question serait positive. Ce point doit être mis en lien avec la suppression, dans le texte de l'Avant-projet de loi, de la distinction entre l'ADN codant et l'ADN non codant.

§ 9. - Quant à la seconde question, elle concerne l'admissibilité dans une société démocratique de recourir, à des fins d'enquête pénale, à la méthode des « recherches familiales », développée dans le champ de la génétique humaine. L'attention est attirée plus spécifiquement sur la possibilité d'analyser, dans ce cadre, l'ADN Y-STR et l'ADN mitochondrial. Cette question est suivie, en cas de réponse positive, d'une autre portant sur les conditions auxquelles ce type de recherches devrait être soumis. A cet égard, la demande d'avis pointe les différentes « balises » figurant dans l'Avant-projet de loi pour encadrer le recours à cette méthode, à savoir :

- le recours à la recherche familiale uniquement en l'absence de correspondance entre le profil ADN d'une trace découverte avec ceux dressés dans le cadre de la même enquête ou enregistrés dans les banques de données nationales ;
- le recours à la recherche familiale uniquement à la demande d'un magistrat et sous son contrôle exclusif ;
- le recours à la recherche familiale uniquement pour certains types de faits énumérés par la loi ;
- la réalisation d'une comparaison entre le profil ADN de la trace découverte et celui de la personne suspectée.

§ 10. – Cette dernière opération ne conditionne pas en soi la réalisation d'une recherche familiale, mais prévoit une procédure de vérification lorsqu'il y est recouru. Par ailleurs, la circonstance que la Belgique ne connaisse pas le « principe d'immunité familiale » ne constitue pas en tant que telle une « balise » supplémentaire, comme le laisserait penser la demande d'avis. Celle-ci ne fait que constater l'absence en droit interne d'un tel principe qui, à le supposer établi, mettrait sous tension les dispositions autorisant le recours à ce type de recherches.

D. – Droits humains et libertés fondamentales comme cadre de la réglementation

§ 11. – De manière générale, les mesures qui sont en projet sont attentatoires à des droits humains et libertés fondamentales, plus spécialement le droit au respect de la vie privée et familiale. Ce dernier est notamment consacré par l'article 8 de la Convention européenne des droits de l'homme.

§ 12. – Cette disposition prévoit que, pour être légitimes, de telles ingérences de l'autorité publique doivent répondre à plusieurs conditions. La première est celle de la légalité des mesures, qui sera rencontrée en cas d'adoption de l'Avant-projet de loi. Ces ingérences doivent également être nécessaires dans une société démocratique et correspondre à un ou plusieurs besoins sociaux

impérieux. Ceux-ci sont repris dans la disposition susvisée. Il s'agit, entre autres, de la sûreté publique, de la sécurité nationale, de la prévention des infractions pénales et de la protection des droits et libertés d'autrui, qui sont pertinentes au regard de l'objet de l'Avant-projet de loi. La dernière condition impose que les ingérences soient proportionnées à l'objectif légitime poursuivi. A ce niveau, il y a lieu notamment de tenir compte des intérêts en jeu ainsi que de l'importance et de l'intensité de l'atteinte portée au droit au respect de la vie privée et familiale. L'Etat dispose, dans ce type de matières, d'une marge d'appréciation certaine.

E. – Suppression de la distinction entre ADN codant et ADN non codant

§ 13. - La suppression de la distinction entre l'ADN codant et l'ADN non-codant ne figure pas parmi les principales propositions de l'Avant-projet de loi, telles que reprises dans l'*Exposé des motifs* (§ 5). Elle est y néanmoins évoquée, dans les « Généralités » (pp. 16 et 17) et dans le « Commentaire des articles » (p. 42).

§ 14. - Le principal argument avancé pour justifier cette suppression est le caractère « scientifiquement dépassé » de cette distinction (p. 16) – celle-ci n'étant, pour le dire autrement, « plus justifiable sur le plan scientifique » (p. 42). Cette situation résulte, à s'en tenir à l'*Exposé de motifs*, de la difficulté à différencier précisément ce que recouvrent le concept d'ADN codant et celui d'ADN non codant – le développement des sciences génétiques ayant rendu incertaine et, dans une certaine mesure, contestable la frontière entre ces deux notions.

§ 15. - Pour le surplus, l'*Exposé des motifs* fait valoir, en utilisant une formule assez hypothétique, qu'« on peut imaginer, par exemple, que pour les traces découvertes de victimes ou de parties de corps non identifiées et non reconnaissables, il pourrait être utile de mieux connaître les caractéristiques physiologiques de l'individu concerné » (p. 17).

§ 16. - Il est certain qu'une réflexion doit être entreprise sur la légitimité et l'opportunité de maintenir cette distinction dans la réglementation relative au recours à l'ADN en matière pénale. En effet, à titre d'exemple, l'on peut déduire avec une probabilité plus ou moins grande certaines caractéristiques phénotypiques d'une personne au départ notamment d'ADN non codant. Une telle utilisation est d'ailleurs évoquée dans l'*Exposé des motifs* lorsqu'est mentionnée la possibilité de déterminer « l'origine biogéographique » des individus au départ de l'analyse de leur patrimoine génétique (p. 23). Ceci étant, l'auteur du texte écarte, lui-même, du champ de la réforme en projet la régulation de telles utilisations – la justification avancée étant la nécessité de mener des « recherches supplémentaires », entre autres « en termes de coûts et de réalisation technique » (p. 23).

§ 17. - Ceci étant, l'on doit constater que la notion d'ADN non codant n'est pas, dans la littérature scientifique, aussi « dépassée » que tend à le laisser penser l'*Exposé des motifs*. Certes, l'on ne peut douter que la différence entre l'ADN codant et l'ADN non codant est incertaine, voire même contestée quant à son bien-fondé. Il n'en reste pas moins que des organisations telles que le *National Human Genome Research Institute* (USA) définit l'ADN non codant sur sa page internet : « L'ADN non codant correspond aux parties du génome d'un organisme qui ne codent pas pour les acides aminés, éléments constitutifs des protéines. Certaines séquences d'ADN non codantes sont connues pour remplir des rôles fonctionnels, par exemple dans la régulation de l'expression des gènes, tandis que d'autres zones d'ADN non codantes n'ont aucune fonction connue »¹.

¹ Traduction libre de : « Non-coding DNA corresponds to the portions of an organism's genome that do not code for amino acids, the building blocks of proteins. Some non-coding DNA sequences are known to serve functional roles, such as in the

§ 18. - Par ailleurs, si la suppression dans la réglementation de la référence aux « séquences non codantes du patrimoine génétique » permet de contourner la difficulté de distinguer ces dernières de l'ADN codant, elle a surtout pour effet d'inclure dans le champ d'application des dispositions concernées des pratiques que le législateur a clairement voulu exclure par le passé. Si telle est son intention, l'auteur du texte en projet devrait, à tout le moins, expliciter les raisons qui l'amènent à changer radicalement l'approche retenue jusqu'à présent. De telles justifications s'imposent avec d'autant plus de force que la suppression de toute référence aux « séquences non codantes du patrimoine génétique », implique nécessairement une ingérence plus grande de l'autorité publique dans la vie privée et familiale des citoyens (§ 12) – précisément le motif qui avait conduit le législateur à limiter la notion de « profil ADN » au code alphanumérique établi sur la seule base d'ADN non codant (art. 44^{ter}, 1°, C.i.cr.).

§ 19. – L'on doit enfin constater que l'*Exposé des motifs* ne fait état d'aucune méthode particulière à laquelle il pourrait être recouru suite à la suppression de la distinction entre l'ADN codant et l'ADN non codant dans la réglementation – si ce n'est de manière assez hypothétique et abstraite (§ 15). Ce point doit être mis en tension avec l'intention de l'auteur du texte en projet, qui entend limiter les modifications de la réglementation à celles dont la mise en œuvre rapide est susceptible de produire des résultats à court terme (§ 4).

§ 20. – Étant donné notamment les conditions auxquelles est soumise une ingérence de l'autorité publique dans la vie privée et familiale des citoyens (§ 12), le projet politique affiché par l'auteur du texte en projet et ses limites (§ 4) ainsi que l'absence d'indication claire quant au gain à brève échéance pour la justice pénale en termes d'efficacité (§ 19), il n'apparaît pas indiqué de supprimer, dans le Code d'instruction criminelle, la référence faite aux « séquences non codantes du patrimoine génétique » figurant dans la définition du « profil ADN » (art. 44^{ter}). Au contraire, il semble nécessaire, avant de procéder à une telle modification, de mener une réflexion interdisciplinaire approfondie sur le recours à l'ADN pour obtenir des indications quant aux particularités physiologiques de l'individu – notamment en fonction de leur caractère apparent ou non ou de leur dimension strictement personnelle ou partagée avec d'autres membres des groupes humains auxquels il appartient.

F. – La recherche familiale

§ 21. – L'article 2 de l'Avant-projet de loi, insérant un 3°/1 dans l'article 44^{ter} du Code d'instruction criminelle, définit la « recherche familiale » comme la « recherche du père, de la mère, des fils, des filles, des frères ou des sœurs biologiques de la source d'un profil d'ADN non identifié provenant d'une trace découverte, sur base d'une comparaison de ce profil ADN avec les profils ADN des échantillons de référence enregistrés dans les banques de données ADN nationales "Criminalistique" et "Condamnés" ».

§ 22. – La limitation de ce type de recherches à celle des ascendants, descendants et collatéraux biologiques au premier degré de la source d'un profil ADN non identifié, ne figure pas parmi les balises mentionnées dans la seconde question adressée par le Ministre de la justice (§ 9) – alors qu'elle en détermine l'étendue.

§ 23. - Selon l'*Exposé des motifs*, la recherche familiale doit conduire à l'établissement d'une liste de liens positifs partiels, classés par ordre de probabilité statistique, entre le profil ADN de la trace découverte et des profils ADN enregistrés dans les banques de données ADN « Condamnés » ou

regulation of gene expression, while other areas of non-coding DNA have no known function. » (<https://www.genome.gov/genetics-glossary/Non-Coding-DNA>, consulté le 20 octobre 2023).

« Criminalistiques » – ce qui atteste *a priori* de la parenté plus ou moins proche des personnes dont proviennent ces profils ADN (p. 53).

§ 24. – Ceci étant, en fonction du nombre et du choix des séquences utilisées, ce type d’expertises se caractérise par un risque plus ou moins important de faux positifs (établissement à tort d’un lien familial) et de faux négatifs (exclusion à tort d’un lien familial) (voir figure 1, reprise de Maguire *et al.*, 2014). Il en résulte, entre autres, que la recherche qualifiée de « familiale » dans l’Avant-projet de loi conduit potentiellement à l’inclusion dans la liste évoquée dans l’*Exposé des motifs*, de personnes qui ne sont pas apparentées avec l’individu à l’origine de la trace non identifiée ou dont le degré de parenté ne correspond pas à l’un de ceux spécifiés dans l’article 2 de l’Avant-projet de loi.

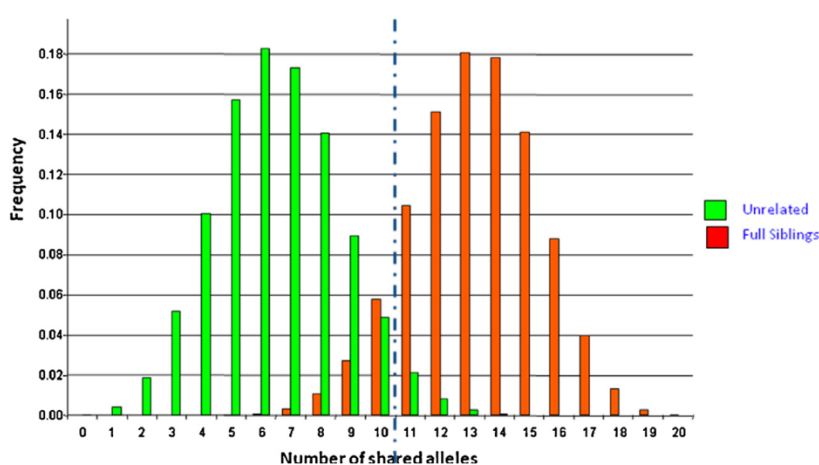


Figure 1: Résultats d’expérience de simulations en variant le nombre d’allèles correspondants parmi des frères et sœurs et des personnes non-apparentées (Maguire *et al.*, 2014).

§ 25. - L’on doit constater à cet égard que le nombre et le choix des séquences utilisées ne sont pas précisés dans l’Avant-projet de loi ou dans l’*Exposé des motifs*, pas plus d’ailleurs que la qualité du profil ADN pouvant servir de base pour ce type de recherches (e.a. en cas de mélange d’ADN de plusieurs personnes).

§ 26. - L’article 7 de l’Avant-projet de loi, insérant un article 44octies dans le Code d’instruction criminelle, prévoit la possibilité d’établir le profil Y-STR ou ADNmt des personnes reprises sur la liste évoquée ci-avant, sur base d’un choix opéré par le magistrat. L’ADN mitochondrial est transmis uniquement par la mère et il est identique pour tous les membres d’une même lignée maternelle (e.a. frère, sœur, mère, tante maternelle) – ceux-ci partagent donc un même profil ADNmt. Quant au chromosome Y, il est exclusivement d’origine paternelle et il est identique pour tous les membres masculins d’une même lignée paternelle (e.a. frère, père, grand-père, oncle paternel) – ceux-ci partagent donc un même profil Y-STR. Les analyses du chromosome Y et de l’ADN mitochondrial sont ainsi ce que l’on appelle des marqueurs de lignée. Alors que ces comparaisons permettent de réduire le nombre de personnes sur la liste des liens potentiels, la comparaison avec le profil Y-STR ou ADNmt prévue dans la disposition susvisée ne garantit pas la possibilité de limiter la recherche familiale aux personnes liées à l’individu à l’origine de la trace non identifiée par un des liens de parenté spécifiés dans la définition à l’article 2 de l’Avant-projet de loi. Il convient de prendre en considération le résultat

d'analyse Y-STR ou ADNmt dans le calcul de probabilité d'un lien de parenté entre une personne de la liste et l'auteur de la trace.

§ 27. – En l'état, le dispositif de « recherche familiale » en projet ne correspond pas à la définition qui en est donnée à l'article 2 de l'Avant-projet. Il y a lieu, à tout le moins, de revoir la portée de ce type de recherches ou de spécifier adéquatement ses aspects méthodologiques et techniques, de manière à ne pas inclure dans les résultats de l'expertise des personnes autres que celles ayant le lien de parenté visé dans la disposition précitée.

§ 28. – De manière tout aussi essentielle, l'on doit constater dans l'*Exposé des motifs* l'absence de toute considération éthique ou juridique – ou presque – alors que la recherche familiale constitue assurément une ingérence de l'autorité publique dans des droits humains et des libertés fondamentales, notamment en ce qui concerne la vie privée et familiale. Il conviendrait d'expliciter la nécessité de la mesure envisagée dans une société démocratique et, pour autant que possible, montrer de manière concrète et convaincante en quoi elle respecte le principe de proportionnalité (§ 12).

§ 29. – Par ailleurs, en son article 3, l'Avant-projet de loi prévoit de compléter par un §4 l'article 44^{quater} du Code d'instruction criminelle, de sorte qu'un magistrat puisse « par décision motivée [...] requérir l'expert [...] d'établir le profil Y-STR ou le profil ADNmt des traces découvertes », et ce, « en précisant les circonstances de l'affaire qui justifient cette analyse ». L'alinéa suivant indique que cette réquisition a lieu « systématiquement » lorsqu'il existe des « indices sérieux que les faits constituent une infraction visée aux articles 417/7 ou 417/11 du Code pénal » – qui incriminent respectivement l'atteinte à l'intégrité sexuelle et le viol. Il n'y a donc, dans ces hypothèses, aucune application d'un principe de subsidiarité. Il n'est pas fait mention, par exemple, qu'une telle analyse ne serait permise que si le profil ADN d'une trace découverte n'est toujours pas identifié après sa comparaison avec les autres profils établis dans le cadre de l'enquête ou enregistrés dans les banques nationales de données ADN.

§ 30. – Ce caractère systématique de l'établissement et de la comparaison du profil Y-STR des traces découvertes ou des échantillons de référence ne trouve pas à proprement parler de justification dans l'*Exposé des motifs*. En effet, ce dernier précise les hypothèses dans lesquelles de tels profils présentent un intérêt et celles-ci sont limitées : « les profils Y-STR sont particulièrement intéressants dans les cas d'agression sexuelle où les composantes féminines et masculines d'un profil de traces ne peuvent être distinguées à l'aide d'un profil STR autosomal » : « comme le profil Y-STR n'apparaît que chez les hommes, il est toujours possible, dans ce cas, d'identifier le contributeur masculin ou un parent de sang masculin » (p.37). Dans nombre de circonstances, même en cas d'agression sexuelle, la question de la distinction des composantes féminines et masculines d'un profil de traces ne revêt que peu ou pas d'importance. Il y a, par exemple, des dossiers où l'acte sexuel n'est contesté par aucune des personnes concernées, mais bien son caractère consenti. La question de la source de la trace est ici sans pertinence : l'établissement du profil ADN autosomal ou du profil Y-STR de la trace découverte n'apporte pas d'information utile supplémentaire dans le dossier. L'on doit, pour le surplus, nuancer l'extrait repris ci-dessus de l'*Exposé des motifs* en rappelant qu'à ce type d'expertises est attaché un risque plus ou moins important de faux positifs et de faux négatifs (§ 24) – avec notamment pour conséquence l'identification possible de personnes qui ne sont pas des « parent[s] de sang masculin » suivant l'un des liens spécifiés dans l'article 2 de l'Avant-projet de loi.

§ 31. – Par ailleurs, la question du coût du caractère systématique de l'établissement et la comparaison du profil Y-STR des traces découvertes ou des échantillons de référence n'est pas abordée dans l'*Exposé des motifs*, alors que plusieurs des propositions en projet sont notamment justifiées par le souci de limiter les dépenses publiques (p. 23, p. 33, p. 39, p. 50, p. 51 et p. 54). Aussi, ce point gagnerait à faire

l'objet d'une analyse et l'auteur du texte devrait en tirer les éventuelles conséquences au niveau de la réglementation en projet, afin d'assurer la cohérence de cette dernière.

§ 32. – A ce niveau également, l'on ne peut que déplorer l'absence de toute réflexion ou presque d'ordre éthique ou juridique dans l'*Exposé des motifs*, de nature à justifier l'atteinte aux droits humains et libertés fondamentales, notamment en ce qui concerne le droit au procès équitable et le droit au respect de la vie privée et familiale (§ 12). Le projet peut conduire, notamment par l'enregistrement des profils Y-STR et des profils ADNmt, à augmenter plus ou moins fortement la probabilité d'identification d'un individu déterminé en raison des comportements de parents biologiques. Il n'est pas exclu que cette situation ait des incidences problématiques, qui n'ont pas été abordées dans l'*Exposé des motifs* : surreprésentation de certains groupes dans les chiffres de la criminalité, biais dans la poursuite des infractions et leur répression, apparition ou renforcement de phénomènes de stigmatisation, etc.

§ 33. – Que ce soit pour la recherche familiale ou pour l'établissement et la comparaison systématiques des profils Y-STR, le texte en projet manque de précision et de cohérence sur certains aspects techniques et scientifiques. Il ne paraît pas non plus offrir de garanties suffisantes en matière de respect des droits humains et libertés fondamentales ou, à tout le moins, il n'est pas fait état dans l'*Exposé des motifs* de considérations de nature à justifier les mesures envisagées.

Pre Sonja BITZER, Pr Jean-Marc HAUSMAN,
Marie MORANDINI (coll.) & Sarah HUGUES (coll.)

Note sur la distinction entre ADN codant et non-codant

L'état des lieux de la législation applicable en Belgique concernant l'utilisation de l'ADN en matière pénale et les banques de données y associées met en lumière un certain nombre de questions soulevées par la pratique, au premier rang desquelles l'identification du matériel biologique utilisable.

La législation belge, que ce soit dans le cadre de la loi du 22 mars 1999 mais également suite à la réforme opérée par la loi du 7 novembre 2011 et les modifications législatives ultérieures, limite l'utilisation de l'ADN en matière pénale aux segments d'ADN dits non codants, sans pour autant en donner une quelconque définition. En effet, l'article 44ter du Code d'instruction criminelle prévoit que par « profil ADN » on entend « *un code alphanumérique spécifique à chaque individu et établi exclusivement à partir de séquences non codantes du patrimoine génétique* ».

L'ADN codant est ainsi dénommé pour son rôle dans la production des protéines indispensables à la cellule et à l'organisme. Les segments dits non codants de l'ADN sont, eux, supposés ne délivrer aucune information sur les caractéristiques physiologiques, morphologiques et héréditaires d'une personne¹ et sont parfois qualifiés d'ADN poubelle². Seule une petite fraction de l'ADN a ce rôle codant (environ 10%) alors que le surplus (soit 90%) ne semble pas avoir de fonction déterminée³.

¹ E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », Rapport de recherche, Mission de Recherche Droit et Justice, 2017, p. 17, disponible à l'adresse <https://shs.hal.science/halshs-01613110/document>

² B. RENARD, « L'identification génétique et la discrétion des controverses scientifiques dans son usage par la justice pénale », *Déviance et Société*, 2013/3 (Vol. 37), p. 292, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-deviance-et-societe-2013-3-page-289.htm>.

³ A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *Rev. dr. pén.*, 2012/12, p. 1121, disponible à l'adresse https://www.stradalex.com/fr/sl_rev_uu/toc/rdpc_2012_12-fr/doc/rdpc2012_12p1121.

Toutefois, dès la découverte des STRs⁴ utilisés pour l'identification par analyse génétique, des débats ont agité la communauté scientifique sur le caractère codant ou non de l'ADN⁵ et notamment sur les contours de cette distinction.

Aujourd'hui, avec les progrès de la science, la question du bien-fondé de cette distinction se pose avec une acuité nouvelle dans la mesure où les scientifiques ont découvert que l'ADN non codant peut révéler des informations personnelles et renseigner les services enquêteurs notamment sur les origines ethniques d'un individu suspect⁶. Avant d'évoquer l'effondrement scientifique de la distinction entre codant et non codant et ses implications juridiques, il y a lieu d'analyser l'origine de celle-ci et de s'attarder sur les différents niveaux de définition que l'on peut y apporter.

A. L'origine de la distinction entre les segments d'ADN codants et non codants dans la législation belge

1) Une distinction fondée sur une volonté de protection de la vie privée

La législation entourant l'exploitation de l'ADN en matière pénale en Belgique repose sur la distinction qui est faite entre les segments non codants de l'ADN – dont la loi autorise l'utilisation à des fins d'identification par analyse génétique – et les segments codants de l'ADN – pour lesquels cette utilisation n'est pas autorisée.

⁴ Acronyme anglais pour « Short Tandem Repeats » que l'on peut traduire par « courtes répétitions en tandem ». Dans les années 1980, de nombreuses recherches scientifiques ont été menées afin d'utiliser l'ADN comme marque d'individualisation. En 1983, Sir Alec Jeffreys, en collaboration avec les services de la police scientifique du Royaume-Uni, a inventé le profilage de l'ADN, ou empreinte génétique, dans lequel les courtes répétitions en tandem dans une séquence d'ADN sont utilisées pour déterminer les caractéristiques individuelles d'une personne. Cette technique a pu commencer à être utilisée, la même année, dans des affaires judiciaires au Royaume-Uni. Voy. C. M. JOSEPH, « Forensic biology: a passport for biological evidence » in *Crime Scene Management within Forensic Science - Forensic Techniques for Criminal Investigation*, Springer, 2022, p. 123.

⁵B. RENARD, « L'identification génétique et la discrétion des controverses scientifiques dans son usage par la justice pénale », *op. cit.*, p. 292.

⁶ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *Droit pénal*, n°9, septembre 2018, p. 17, disponible à l'adresse https://www.lexis360intelligence.fr/revues/Droit_p%C3%A9nal/PNO_RPEN/document/PS_KPRE-558414_0KTO?doc_type=doctrine_revue&source=autocompletion.

L'origine de cette distinction réside dans la volonté du législateur de respecter le droit à la vie privée⁷ de l'individu dont on veut connaître le patrimoine génétique⁸. L'interdiction d'utiliser les segments d'ADN codants fut ainsi avancée comme la principale garantie de proportionnalité dans l'atteinte à la vie privée qui a emporté l'adhésion politique à l'autorisation légale de l'identification par analyse génétique en Belgique⁹. Ce fut également le cas en France, où les tensions entourant l'avènement du FNAEG¹⁰ ont été résolues par la construction d'un consensus autour de l'inclusion de cette catégorie scientifique dans la loi¹¹.

C'est ainsi qu'il a été fait le choix, par le législateur belge, de n'autoriser l'analyse ADN que sur les séquences non codantes du patrimoine génétique afin de s'assurer que les informations extraites ne puissent pas informer quiconque sur un attribut phénotypique ou une fonction biologique de la personne, à l'exception du sexe. Le profil génétique ainsi obtenu est par ailleurs traduit en un code alphanumérique afin de garantir son anonymat¹².

Certains auteurs, amenés à se prononcer sur l'intégration de l'identification génétique dans le système judiciaire belge, avaient souligné l'importance de la protection de l'information génétique liée à l'ADN non codant du point de vue du droit à la vie privée. Ils indiquaient, avec

⁷ L'article 8 de la Convention européenne des droits de l'homme et l'article 22 de la Constitution belge garantissent le droit au respect de la vie privée.

⁸ *Doc. parl.*, Ch. repr., sess. ord. 1998-1999, n°1047/6-96/97, p. 7.

⁹ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, juin 2016, pp. 7-8, disponible à l'adresse https://www.researchgate.net/profile/Ines-Gallala/publication/314250900_Le_droit_traducteur_des_enjeux_des_dispositifs_sociotechniques_Etu_de_de_cas_a_propos_de_l'identification_par_analyse_genetique_en_justice_penale_en_Belgique/links/59d351abaca2721f436ca33b/Le-droit-traducteur-des-enjeux-des-dispositifs-sociotechniques-Etude-de-cas-a-propos-de-l'identification-par-analyse-genetique-en-justice-penale-en-Belgique.pdf.

¹⁰ En France, le FNAEG (Fichier National des Empreintes Génétiques) a été créé en 1998. Initialement inséré dans un titre XIX du Code de procédure pénale français intitulé « De la procédure applicable aux infractions de nature sexuelle et de la protection des mineurs victimes », le champ d'application du FNAEG a été progressivement élargi au cours des réformes et contient désormais les empreintes génétiques des suspects, des mis en cause, des coupables, des traces biologiques d'inconnus, ainsi que des proches des personnes disparues ou des suspects. Voy. C. AMBROISE-CASTEROT, « Le FNAEG, un outil de fichage au service des enquêtes », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, septembre 2019, p. 26, disponible à l'adresse <https://journals.openedition.org/cdst/1020>.

¹¹ G. KRIKORIAN, « Usages de l'ADN par la police - Les conditions épistémiques de l'absence d'un débat public », in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, Éditions de la maison des sciences de l'homme, 2021, p. 111

¹² A. LERICHE et D. VANDERMEERSCH, « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *op. cit.*, p. 1124.

une grande clairvoyance, qu'il n'était pas exclu que la science découvre un jour que l'ADN non codant est facteur d'autres informations que celles relatives à notre simple identité¹³.

2) Les séquences non codantes de l'ADN : un matériel génétique plus adapté à la comparaison de profils

Par ailleurs, plus que de suffire à l'identification par analyse génétique, l'ADN non codant présente des caractéristiques qui s'y prêtent mieux que l'ADN codant. En effet, d'après une généticienne interrogée par G. Krikorian sur les débats qui ont entouré la création du FNAEG en France, les STRs présents sur les séquences non codantes sont plus adaptés à la comparaison de profils et à l'obtention de résultats clairs en raison de leurs nombreuses variations. Lesdites variations permettent de distinguer les profils les uns des autres et donc les individus entre eux¹⁴.

Il reste que la définition du caractère codant ou non codant des segments d'ADN, dont les contours étaient déjà incertains lors de l'avènement de la première loi relative à l'utilisation de l'ADN en Belgique, est d'autant plus mouvante avec les évolutions scientifiques récentes.

B. La définition du caractère codant ou non des segments d'ADN

1) Un défaut délibéré de toute définition juridique

La législation relative à l'utilisation de l'ADN en matière pénale en Belgique n'apporte aucune définition du caractère codant ou non des séquences analysées. Il est simplement fait référence au profil ADN, lequel doit être établi exclusivement à partir de séquences non codantes du patrimoine génétique¹⁵.

Dans le cadre du travail parlementaire ayant abouti à la loi du 22 mars 1999, l'avis du monde scientifique avait pourtant été sollicité quant à une définition de la notion d'« ADN non codant ». Après avoir indiqué que celle-ci ne pouvait être définie, vu l'évolution scientifique en

¹³ C. HENNAUT-HUBLET et M-N VERHAEGEN, « Les tests d'identification génétique en matière pénale », *J.T.*, 1998/39, n° 5905, pp. 801-809, disponible à l'adresse https://www.stradalex.com/fr/sl_rev_utu/toc/jt_1998_39-fr/doc/jt1998_39p801.

¹⁴ G. KRIKORIAN, « Usages de l'ADN par la police - Les conditions épistémiques de l'absence d'un débat public », *op. cit.*, p. 117

¹⁵ Article 44ter du Code d'instruction criminelle.

la matière¹⁶, les scientifiques avaient pu indiquer de manière assez contradictoire qu'ils savaient ce que recouvrait la notion de « non codant » de sorte qu'une telle définition n'était pas nécessaire¹⁷.

En réalité, il semble que la définition de cette notion ne soit pas si claire, que ce soit d'un point de vue scientifique ou juridique.

2) Le matériel génétique exploitable lors d'une analyse ADN en matière pénale

D'un point de vue scientifique, Catherine Ménabé précise que l'identification par analyse génétique, également dénommée analyse ADN ou bien encore expertise des empreintes génétiques, repose sur une comparaison entre deux profils ADN. Le premier profil est prélevé sur une scène d'infraction ou sur un lieu en lien avec le passage à l'acte et l'autre sur le suspect (ou est enregistré dans un fichier). Le profil ADN est extrait de la partie dite non codante de l'ADN. Il est établi par le nombre de répétitions (ou STRs) pour des régions de l'ADN appelées « loci ». Plus les loci entre les deux matériels génétiques comparés sont concordants, plus la probabilité d'appartenance au même individu est importante. En revanche, une seule discordance suffit à exclure l'identité de profil¹⁸.

Le profil ADN est extrait de la partie dite non codante de l'ADN, principalement nucléaire (situé au sein du noyau de la cellule)¹⁹. Cet ADN est également appelé ADN autosomal.

Le profil peut également être établi à partir de l'ADN mitochondrial (ou ADNmt) qui est situé dans les mitochondries. Transmis uniquement par la mère, il est identique pour une même lignée maternelle²⁰. Il est utilisé comme un substitut lorsque les cellules prélevées sont trop dégradées et que l'ADN nucléaire ne peut être exploité²¹. C'est particulièrement le cas lorsque les cellules sont issues des dents, des cheveux, des poils ou des os²². Ayant un pouvoir discriminant bien

¹⁶ *Doc. parl.*, Ch. repr., sess. ord. 1998-1999, n°1047/6-96/97, pp. 25-26

¹⁷ *Doc. parl.*, Ch. repr., sess. ord. 1998-1999, n°1047/6-96/97, p. 82

¹⁸ C. MENABE, « L'ADN, la reine des preuves imparfaites », *Médecine & Droit*, 2020, p. 130, disponible à l'adresse <https://doi.org/10.1016/j.meddro.2020.05.002>.

¹⁹ *Ibid.*, p. 130.

²⁰ C. JALBY, *La police technique et scientifique*, Presses Universitaires de France, 2017, p. 68

²¹ C. MENABE, « L'ADN, la reine des preuves imparfaites », *op. cit.*, p. 132

²² B. RENARD, « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », thèse de doctorat, 2008, p. 238, disponible à l'adresse <https://dial.uclouvain.be/pr/boreal/object/boreal:158063>.

moindre que l'ADN nucléaire, il est utilisé de manière subsidiaire à l'ADN nucléaire²³. L'ADN mitochondrial ne permet en effet pas d'identifier à 100% un individu mais seulement d'exclure une hypothèse, car cet ADN ne présente pas assez de variabilité dans les populations²⁴. Ainsi, plusieurs personnes peuvent présenter un même ADN mitochondrial même si la probabilité est faible (environ 1 chance sur 2000)²⁵.

Enfin, un profil peut également être établi à partir du chromosome Y, notamment dans les affaires d'agressions sexuelles ou de viol, lorsque l'on se trouve face à un mélange d'ADN entre les cellules de la victime et celles de son agresseur²⁶. Ce chromosome Y est exclusivement d'origine paternelle et est identique pour une même lignée paternelle²⁷.

Les analyses de l'ADN mitochondrial et de l'ADN du chromosome Y sont parfois utilisées dans certains dossiers judiciaires lorsque l'ADN autosomal ne peut pas être exploité ou ne donne pas de résultat. Toutefois, la législation belge n'encadre pas précisément leur usage. Seule l'annexe à l'arrêté royal du 4 février 2002²⁸ apporte une précision, indiquant que l'ADN mitochondrial peut être déterminé à titre de test complémentaire mais pas comme méthode comparative au sens de la loi précitée²⁹.

Il a longtemps été admis dans le monde scientifique que les segments non codants, sur lesquels sont réalisées les analyses ADN en matière pénale conformément à ce qu'autorise la loi belge,

²³ B. RENARD, « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », *op. cit.*, p. 238.

²⁴ E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », *op. cit.*, p. 19.

²⁵ E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », *op. cit.*, p. 19.

²⁶ A. MANSUET-LUPO, P. ROUGER et V. VAN HUFFEL, « Les empreintes génétiques : état de l'art en 2007, techniques, applications et législation », *Transfusion Clinique et Biologique*, 2007, n°14, pp. 340-341, disponible à l'adresse <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1246782007000559>.

²⁷ A. STEVANOVITCH, « L'identification individuelle à partir d'ADN et d'ossements : les dessous du travail de la police scientifique », *Corps*, 2019/1, n°17, p. 200, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-corps-2019-1-page-199.htm>.

²⁸ Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 mars 2002.

²⁹ Bertrand Renard a toutefois pu relever que l'article 8§2 dudit arrêté royal du 4 février 2002 prévoit que « dans l'hypothèse où aucun résultat n'a été obtenu pour les cellules prélevées ou si le profil ADN ne fournit pas assez d'informations pour pouvoir procéder à une comparaison, l'expert informe le procureur du Roi ou le juge d'instruction des autres techniques ADN qui pourraient être utilisées pour néanmoins pouvoir effectuer éventuellement une comparaison ». Voy. B. RENARD, « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », *op. cit.*, p. 337.

ne délivrent aucune information sur les caractéristiques de la personne et permettent seulement une identification, comme un code barre permet d'identifier un objet³⁰.

A l'inverse, les segments d'ADN codants étaient considérés comme pouvant donner des informations de différents types : des caractéristiques morphologiques (couleur des yeux, des cheveux, couleur de la peau...) ou individuelles (tendance à la calvitie ou à des taches de rousseur³¹), des prédispositions à certaines maladies, des informations relatives aux origines ethno-géographiques³² ou encore des informations relatives aux traits de caractère³³.

3) L'esprit du législateur ayant présidé à l'inclusion de cette catégorie scientifique en droit

D'un point de vue juridique, il est intéressant de se référer à l'esprit du législateur lors des débats parlementaires ayant abouti à la première loi relative à l'utilisation de l'ADN en matière pénale en Belgique du 22 mars 1999.

Dans l'exposé introductif de la proposition de loi de Monsieur Lespagnard, il est fait référence à l'ADN codant de l'échantillon, dans lequel il est précisé qu'on trouve des informations relatives aux maladies héréditaires ou aux prédispositions à certaines maladies³⁴. Il n'est en revanche pas fait clairement état des autres informations que peuvent fournir les séquences codantes de l'ADN telles que les caractéristiques morphologiques. Dès lors, il y a lieu de s'interroger sur l'esprit du législateur de l'époque qui semblait vouloir avant tout protéger les informations personnelles relatives à l'état de santé des personnes.

En revanche, à la faveur des débats parlementaires ayant précédé la réforme opérée par la loi du 7 novembre 2011, il a pu être souligné que les séquences non codantes de l'ADN correspondent aux parties de l'ADN qui ne contiennent pas d'information génétique pertinente et dont on ne peut, par conséquent, déduire aucune donnée relative aux propriétés

³⁰ A. DEBET, « Preuve et nouvelles technologies en France » in *La preuve*, 1^e édition, Bruxelles, Bruylant, 2015, p. 604.

³¹ E. PHAM-HOAI, A. PUSSIAU et J-Y. CURCI, « ADN, une perpétuelle avancée », *Revue francophone des laboratoires*, février 2007, p. 75, disponible à l'adresse <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1773035X1730031X>.

³² Pour plus de détails sur les tests génétiques permettant de déterminer l'origine ethno-géographique d'une personne, voy. E. SUPLOT, « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d'une pratique », *Droits*, 2021/1, n°73, p. 131, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-droits-2021-1-page-125.htm>.

³³ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *op. cit.*, p. 17.

³⁴ *Doc. parl.*, Ch. repr., sess. ord. 1998-1999, n°1047/6-96/97, p. 5.

physiologiques, morphologiques ou psychique d'une personne (par exemple, son état de santé).³⁵

Déjà incertaine lors de l'avènement de la loi du 22 mars 1999, la distinction entre la notion d'ADN codant et non codant est encore moins nette aujourd'hui en raison des évolutions scientifiques en la matière. Cet état de fait amène à se questionner sur le devenir juridique de cette catégorisation qui, scientifiquement, ne se justifie plus.

C. L'effondrement scientifique de la distinction entre l'ADN codant et non codant et ses implications juridiques

1) L'effondrement scientifique de la distinction entre l'ADN codant et non codant

La publication des travaux du projet ENCODE³⁶ en 2012 a fait grand bruit dans la communauté scientifique. Selon ceux-ci, 80% du génome humain a une fonction, ce qui a conduit la célèbre revue « Science » à publier un article intitulé « le projet ENCODE fait l'éloge de l'ADN poubelle »³⁷. Au-delà des controverses qui ont entouré cette publication³⁸, il reste que les scientifiques s'accordent depuis longtemps pour dire que la notion d'ADN non codant est poreuse, pour reprendre l'expression de Bertrand Renard³⁹.

³⁵ *Doc. parl.* Ch. repr., sess. ord. 2010-2011, n°53-1504/001, p. 6.

³⁶ Abréviation de ENCyclopedia Of DNA Elements. ENCODE est un projet de recherche public lancé par le National Human Genome Research Institute américain en septembre 2003 (Voy. E. PENNISI, « ENCODE Project Writes Eulogy For Junk DNA », *Science*, 2012, vol. 337, p. 1159, disponible à l'adresse <https://www.science.org/doi/10.1126/science.337.6099.1159>). Le projet vise à identifier tous les éléments fonctionnels dans la séquence du génome humain (Voy. The ENCODE Project Consortium, « The ENCODE (ENCyclopedia Of DNA Elements) Project », *Science*, vol. 306, 2004, p. 636, disponible à l'adresse <https://www.science.org/doi/epdf/10.1126/science.1105136>).

³⁷ E. PENNISI, « ENCODE Project Writes Eulogy For Junk DNA », *op. cit.*

³⁸ Certains scientifiques ont pu indiquer que les travaux d'ENCODE n'apportaient aucune découverte majeure. Voy. en ce sens D. CASANE, Julien FUMEY et P. LAURENTI, « L'apophénie d'ENCODE ou Pangloss examine le génome humain », *Médecine/Sciences*, 2015, vol. 31, disponible à l'adresse https://www.medecinesciences.org/en/articles/medsci/full_html/2015/07/medsci2015316-7p680/medsci2015316-7p680.html.

³⁹ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *op. cit.*, p. 8.

Il est désormais admis que l'ADN non codant est susceptible de fournir des informations personnelles sur un individu⁴⁰. Pour autant, malgré la réforme d'ampleur de la législation sur l'utilisation de l'ADN en matière pénale en 2011 suivie d'autres modifications ultérieures, le législateur a fait le choix de conserver cette distinction entre codant et non codant alors même que celle-ci est scientifiquement dépassée⁴¹.

2) La réaction des acteurs de terrain face aux évolutions scientifiques

Gaëlle Krikorian a pu étudier, en France, le positionnement des acteurs de terrains impliqués dans l'utilisation de l'ADN dans un contexte judiciaire face à la remise en cause du caractère non codant de l'ADN. Elle a pu identifier que certains acteurs s'en tiennent à la loi et se réfèrent ainsi toujours à la distinction entre codant et non codant, malgré les discussions scientifiques à ce propos. D'autres indiquent que les marqueurs utilisés par le FNAEG ne permettent de donner aucune information sur un individu et ne permettent que de réaliser que des comparaisons de profils ADN. Enfin, la dernière catégorie d'acteurs interrogée, la plus représentée, reconnaît le caractère obsolète de la distinction entre codant et non codant et la possibilité d'obtenir fortuitement des informations personnelles, notamment sur une maladie affectant un individu ou sur son origine biogéographique. Ces derniers acteurs indiquent que, face à ce décalage entre la réalité scientifique et la loi, ils inscrivent leurs pratiques dans un cadre éthique⁴².

Cette absence de prise en compte, par le législateur, de l'effondrement de la notion d'ADN non codant sur laquelle repose la législation belge ne peut pas être maintenue à long terme. En effet, cela peut créer des pratiques divergentes entre les acteurs de terrain et finalement une certaine insécurité juridique pour les personnes qui font l'objet des analyses ADN.

En France, un arrêt du 25 juin 2014 a été particulièrement remarqué. Par celui-ci, la Chambre criminelle de la Cour de cassation validait le recours au portrait-robot génétique. Cette pratique consiste à déterminer les caractéristiques physiques apparentes d'un individu à partir de

⁴⁰ Telles que des informations sur des maladies génétiques rares, des maladies fréquentes ou encore des traits physiques (Voy. G. KRIKORIAN, « Usages de l'ADN par la police - Les conditions épistémiques de l'absence d'un débat public », *op. cit.*, p. 121).

⁴¹ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *op. cit.*, p. 8.

⁴² G. KRIKORIAN, « Usages de l'ADN par la police - Les conditions épistémiques de l'absence d'un débat public », *op. cit.*, pp. 120-129.

l'exploitation d'une trace biologique trouvée sur une scène d'infraction et implique ainsi l'utilisation de l'ADN codant⁴³. Dans l'affaire précitée, l'utilisation de cette technique nouvelle était validée « *dès lors que l'expertise ordonnée par le magistrat instructeur (...) consistait exclusivement à révéler les caractères morphologiques apparents de l'auteur inconnu d'un crime à partir de l'ADN que celui-ci avait laissé sur les lieux, à seule fin de faciliter son identification* »⁴⁴. Ainsi, contournant l'interdiction de l'utilisation de l'ADN codant en matière pénale⁴⁵, la chambre criminelle de la Cour de cassation française l'a autorisé en s'appuyant sur ces deux critères.

En Belgique, une telle technique n'est à ce jour pas autorisée.

3) La nécessité de nouveaux critères visant à définir le matériel biologique utilisable dans le cadre des expertises ADN en matière pénale en Belgique

Face à la remise en cause de la notion d'ADN non-codant et à l'évolution scientifique, il y a lieu de s'interroger sur de nouveaux critères qui pourraient être mis en place afin de définir le matériel biologique utilisable dans le cadre des expertises ADN en matière pénale en Belgique. d'encadrer l'utilisation de l'ADN en matière pénale en Belgique du point de vue du matériel biologique utilisable.

Certains auteurs s'interrogent en premier lieu sur la fiabilité des expertises portant sur les caractéristiques physiques apparentes supposant l'utilisation des séquences codantes de l'ADN, ou autrement dit le recours au portrait-robot génétique. Cette technique repose en effet sur des prédictions statistiques et comporte un risque d'erreur. L'analyse de certains marqueurs mène ainsi à des résultats satisfaisants (la couleur des yeux et des cheveux) alors que d'autres (la

⁴³ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *op. cit.*, p. 16.

⁴⁴ Cass. crim. (Chambre criminelle de la Cour de cassation française), 25 juin 2014, n°13-87.493.

⁴⁵ Les articles 16-10 et 16-11 du Code civil français forment le cadre juridique entourant l'exploitation de l'ADN en France. Le premier n'autorise l'examen des caractéristiques génétiques d'une personne qu'à des fins médicales ou de recherche scientifique. Le second, autorise l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques, à des fins médicales ou de recherche scientifique mais également dans le cadre de mesures d'enquête ou d'instruction diligentées lors d'une procédure judiciaire ou pour établir l'identité d'une personne inconnue décédée. En vertu de ses dispositions, la recherche des empreintes génétiques aux fins d'identifications ne peut, en principe, avoir lieu que sur les segments d'ADN non codants. Pour plus de précisions sur la législation française en cette matière, voy. D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *op. cit.*, p. 17.

taille, l'âge, la corpulence) ne permettent pas de prédire ces caractères avec un degré de probabilité satisfaisant⁴⁶. Par ailleurs, le portrait établi reflète uniquement l'état physique natif d'une personne, alors que l'environnement façonne les individus (bronzage, couleur des cheveux) et que des cicatrices, une chirurgie esthétique, une coloration des cheveux peuvent contredire les prédictions émises. Cela devrait conduire le législateur à autoriser le recours à de telles expertises de manière subsidiaire aux analyses ADN conventionnelles, lorsque ces dernières ne donnent aucun résultat. Par ailleurs, ces expertises devraient être utilisées uniquement à des fins d'orientation de l'enquête et pas comme un outil d'identification à part entière. Enfin, de telles techniques pourraient être réservées aux enquêtes relatives aux infractions comportant un certain degré de gravité⁴⁷.

En second lieu, se pose la question de la définition que l'on peut donner aux caractères morphologiques apparents. C'est le critère retenu par la chambre criminelle de la Cour de cassation française, pour autant que l'utilisation de ces caractères se fasse à seule fin d'identification. Selon Didier Beauvais et Laurent Pene, qui ont pu commenter l'arrêt précité, d'autres garanties devraient s'ajouter afin d'éviter les risques de dérives dans l'utilisation de l'ADN à des fins judiciaires. Les auteurs préconisent ainsi que de telles expertises visant à établir un portrait-robot génétique soient nécessairement ordonnées par un juge d'instruction, que l'utilisation des résultats de l'expertise soit strictement réglementée et que les caractères morphologiques apparents soient strictement définis⁴⁸. Or dans l'arrêt précité aucune précision n'est apportée sur ce que l'on entend par l'expression « caractères morphologiques apparents ». Les Pays-Bas, qui ont fait le choix de ce critère dans leur législation autorisant le recours à de telles expertises, font référence aux « caractéristiques personnelles extérieures » qui sont par ailleurs limitativement énumérés⁴⁹.

En troisième lieu, l'on constate qu'une limite semble se dessiner entre les caractéristiques morphologiques apparentes (couleur des yeux, des cheveux, de la peau...) dont on autoriserait la révélation lors de l'analyse ADN et les caractéristiques physiologiques (prédispositions à

⁴⁶ C. RICCARDI et L. RICHEFEU, « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2, p. 335, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-de-science-criminelle-et-de-droit-penal-compare-2018-2-page-331.htm>.

⁴⁷ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *op. cit.*, p. 21.

⁴⁸ *Ibid.*, p. 19.

⁴⁹ *Ibid.*, p. 20.

certaines maladies notamment) qui ne devraient pas être dévoilées. Selon Etienne Verges, ce critère mis en lumière par l'arrêt de la chambre criminelle française précité vise à éviter que les pathologies d'un individu puissent être révélées au cours d'une analyse de son ADN et être ensuite utilisées contre l'individu dans le cadre de contrats d'assurance, de crédit ou de travail, ce qui conduirait à des discriminations⁵⁰. Cela soulève toutefois deux questions. La première tient au fait qu'il semble délicat de circonscrire les analyses ADN à la révélation des seules caractéristiques morphologiques tout comme il est compliqué aujourd'hui de déterminer la frontière entre codant et non codant. Ainsi, l'on pourrait fortuitement révéler des prédispositions à certaines maladies lors d'une analyse ADN. Par ailleurs, les prédispositions à certaines maladies peuvent être un critère discriminant beaucoup plus efficace pour identifier un suspect plutôt que des caractéristiques physiques extérieures. Il est en effet nettement moins courant d'être atteint d'une maladie génétique rare plutôt que d'avoir les cheveux bruns ou les yeux marrons. La révélation des caractéristiques physiologiques pourrait ainsi permettre de faire progresser de manière plus efficace une enquête. Elle devrait toutefois assurément s'entourer de solides garanties, au premier rang desquelles la limitation stricte de leur usage pour les besoins de l'affaire et à des fins d'identification uniquement et ce, afin d'éviter l'utilisation d'informations médicales à d'autres fins.

⁵⁰ E. VERGES, « Vers un portrait-robot génétique ? Le profil morphologique d'un suspect face aux droits fondamentaux (Cass. Crim., 25-06-2014, n° 13-87.493, P+B+R+I) », RDLF, 2014, n°25, disponible à l'adresse <https://revuedlf.com/droit-penal/vers-un-portrait-robot-genetique-le-profil-morphologique-dun-suspect-face-aux-droits-fondamentaux-cass-crim-25-06-2014-n-13-87-493-pbri/>.

BIBLIOGRAPHIE

Législation et jurisprudence

Doc. parl., Ch. repr., sess. ord. 1998-1999, n°1047/6-96/97

Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 mars 2002

Doc. parl. Ch. repr., sess. ord. 2010-2011, n°53-1504/001

Cass. crim. (Chambre criminelle de la Cour de cassation française), 25 juin 2014, n°13-87.493.

Doctrine

AMBROISE-CASTEROT C. « Le FNAEG, un outil de fichage au service des enquêtes », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, septembre 2019

BEAUVAIS D. et PENE L., « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *Droit pénal*, n°9, septembre 2018

CASANE D., FUMEY J. et LAURENTI P., « L'apophénie d'ENCODE ou Pangloss examine le génome humain », *Médecine/Sciences*, 2015, vol. 31.

DEBET A., « Preuve et nouvelles technologies en France » in *La preuve*, 1^e édition, Bruxelles, Bruylant, 2015

HENNAUT-HUBLET C. et VERHAEGEN M-N, « Les tests d'identification génétique en matière pénale », *J.T.*, 1998/39, n° 5905

JALBY C., *La police technique et scientifique*, Presses Universitaires de France, 2017

JOSEPH C. M., « Forensic biology: a passport for biological evidence » in *Crime Scene Management within Forensic Science - Forensic Techniques for Criminal Investigation*, Springer, 2022

KRIKORIAN G., « Usages de l'ADN par la police - Les conditions épistémiques de l'absence d'un débat public », in *Sur la trace des suspects, L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique*, Éditions de la maison des sciences de l'homme, 2021

LERICHE A. et VANDERMEERSCH D., « L'expertise ADN : de nouvelles perspectives à la suite de la loi du 7 novembre 2011 », *Rev. dr. pén.*, 2012/12

MANSUET-LUPO A., ROUGER P. et VAN HUFFEL V., « Les empreintes génétiques : état de l'art en 2007, techniques, applications et législation », *Transfusion Clinique et Biologique*, 2007, n°14

MENABE C., « L'ADN, la reine des preuves imparfaites », *Médecine & Droit*, 2020

PENNISI E., « ENCODE Project Writes Eulogy For Junk DNA », *Science*, 2012, vol. 337

PHAM-HOAI E., PUSSIAU A. et CURCI J-Y, « ADN, une perpétuelle avancée », *Revue francophone des laboratoires*, février 2007

RENARD B., « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », thèse de doctorat, 2008.

RENARD B. , « L'identification génétique et la discrétion des controverses scientifiques dans son usage par la justice pénale », *Déviance et Société*, 2013/3 (Vol. 37)

RENARD B et GALLALA I. « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, juin 2016

RICCARDI C. et RICHEFEU L., « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2

STEVANOVITCH A., « L'identification individuelle à partir d'ADN et d'ossements : les dessous du travail de la police scientifique », *Corps*, 2019/1, n°17

SUPIOT E., « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », Rapport de recherche, Mission de Recherche Droit et Justice, 2017

SUPIOT E., « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d'une pratique », *Droits*, 2021/1, n°73

The ENCODE Project Consortium, « The ENCODE (ENCyclopedia Of DNA Elements) Project », *Science*, vol. 306, 2004

VERGES E., « Vers un portrait-robot génétique ? Le profil morphologique d'un suspect face aux droits fondamentaux (Cass. Crim., 25-06-2014, n° 13-87.493, P+B+R+I) », *RDLF*, 2014, n°25

Note sur le recoupement des profils génétiques obtenus avec d'autres bases de données (banque de données privées, généalogie récréative)

I. Rappel de la législation belge

0100.

Dans les années 1980, à la suite de l'avènement de l'usage l'ADN en matière pénale, les laboratoires d'analyse prolifèrent tout comme les bases de données¹.

Le législateur a, très rapidement, imposé la centralisation des banques de données génétiques.

Cette centralisation se justifiait par l'optimisation de l'utilisation de ces moyens de preuve tout en limitant l'atteinte qui était faite au droit à la vie privée².

Par la loi ADN du 22 mars 1999, l'INCC s'est vu confié le monopole de la gestion centralisée de la Banque nationale de données génétiques³, créée par cette même loi.

Au gré des évolutions législatives, le législateur dota la Belgique de quatre banques de données ADN, à savoir : les banques de données « criminalistique »⁴, « condamnés »⁵, « personnes disparues »⁶ et « intervenants »⁷, toutes chapeautées par l'INCC.

L'INCC définit le rôle de ces banques de données ADN comme étant « *d'identifier la ou les personnes impliquées dans un crime et d'établir des liens entre plusieurs crimes commis en différents lieux* »⁸.

0200.

L'alimentation de ces banques de données dépend essentiellement de l'initiative du magistrat.

Lorsque des traces sont découvertes, dans le cadre d'une enquête pénale, seul le magistrat est compétent pour solliciter l'établissement d'un « profil de traces » auprès d'un laboratoire. Ce profil sera, ensuite, comparé au profil dressé du suspect potentiel⁹.

Dans l'intérêt de l'enquête, le magistrat peut ordonner la réalisation du prélèvement d'un échantillon de référence moyennant l'accord de l'intéressé et à condition qu'il existe des

¹ B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, « Les banques nationales de données génétiques en Belgique. Un premier bilan de 10 ans d'activité. », *Rev. dr. pén.*, 2013/11, p. 929.

² B. RENARD, « Banque nationale de données génétiques en Belgique. Les enjeux d'une construction progressive » in *Sur la trace des suspects. L'incorporation de la preuve et de l'indice à l'ère de la génétique* sous la dir. J. VAILLY, Paris, Editions de la Maison des sciences de l'homme, 2021, pp. 139-140.

³ *Doc. parl.*, chambre 1999, Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, 1047/1, p. 15.

⁴ Art. 4 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 20 mai 1999.

⁵ Art. 5 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 20 mai 1999.

⁶ Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », *M.B.*, 30 janvier 2014.

⁷ Loi du 17 mai 2017 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, en vue de créer une banque de données ADN « Intervenants », *M.B.*, 31 mai 2017.

⁸ INCC, « Banques nationales de données ADN », 2018, disponible sur <https://incc.fgov.be/>.

⁹ Art. 44^{quater}, §§1-2, du Code d'instruction criminelle.

indices de culpabilité à son encontre dans la commission des faits de la présente affaire ou des faits similaires¹⁰.

Un tel prélèvement peut être réalisé en passant outre le consentement de l'intéressé, sous la contrainte. Ce potentiel suspect ne devra se soumettre à un prélèvement que si les faits reprochés sont punissables d'une peine maximale de 5 ans d'emprisonnement ou d'une peine plus lourde et s'il existe des indices de culpabilité à sa charge¹¹.

À contrario, la banque de données condamnées est alimentée de manière automatique selon la gravité des crimes et/ou délits commis¹².

Lorsqu'au cours de l'enquête, des traces de personnes disparues ou de dépouilles mortelles non identifiées sont découvertes, le magistrat requiert de l'expert qu'il en établisse le profil ADN qui sera enregistré dans la banque de données « personnes disparues »¹³.

Ces profils seront comparés à des profils de référence dressés depuis des ascendants, descendants ou collatéraux des personnes disparues. L'établissement de ces profils est conditionné à l'accord préalable des intéressés¹⁴.

La question de l'alimentation de la banque de données « intervenants » ne se pose pas encore en pratique. L'arrêté royal venant définir les acteurs considérés comme « intervenants » n'est toujours pas publié¹⁵.

0300.

Lorsque des traces sont découvertes et récoltées pendant une enquête pénale, le magistrat s'adresse à un expert attaché à un laboratoire agréé. Il établira le profil ADN des traces découvertes et, le cas échéant, comparera les profils ADN des traces découvertes entre elles¹⁶.

Les résultats seront ensuite envoyés au gestionnaire de la banque de données nationale, membre de l'INCC.

Il comparera les résultats de cette analyse aux profils déjà enregistrés dans la banque de données nationale. Ce résultat sera, ensuite transmis au magistrat soit, via une notification circonstanciée lorsqu'un lien positif est obtenu soit, par une simple notification si la comparaison n'établit pas de concordance¹⁷.

0400.

Le choix du magistrat est libre quant au laboratoire auquel il s'adresse pour réaliser de telles analyses. Il est entendu qu'il doit être accrédité par BELTEST, un organisme attaché au Ministère des Affaires économiques¹⁸.

¹⁰ Art. 44quinquies du Code d'instruction criminelle.

¹¹ Art. 90undecies du Code d'instruction criminelle.

¹² Art. 5 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 20 mai 1999.

¹³ Art. 44quater, §1^{er}, al. 4 du Code d'instruction criminelle.

¹⁴ Art. 44septies du Code d'instruction criminelle.

¹⁵ Art.5quinquies de la loi du 17 mai 2017 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, en vue de créer une banque de données ADN « Intervenants », *op. cit.*

¹⁶ Art. 44quater §3 et 90undecies, §4, du Code d'instruction criminelle.

¹⁷ Art. 5quater de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *op. cit.*

¹⁸ Préambule de l'arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 30 mars 2002.

Seuls les laboratoires agréés par le ministre de la Justice pour réaliser des analyses en matière pénale aboutissants à l'établissement de profils ADN peuvent se prêter à de telles analyses¹⁹²⁰.

Comme développé *infra*, avant l'entrée en vigueur de la loi ADN de 1999, prolifèrent divers laboratoires qui procédaient déjà à des analyses ADN. Les résultats obtenus étaient stockés dans différentes banques de données sans qu'aucun cadre législatif ne balise ni ne coordonne ces pratiques²¹.

Bien que la preuve soit libre en droit pénal, son administration ne l'est guère. L'importance de légiférer se faisait d'autant plus sentir en raison de l'atteinte grave aux droits fondamentaux causée par l'utilisation de la preuve ADN.

Le législateur a voulu garantir l'établissement d'un équilibre entre la protection de la société et la préservation des droits personnels de l'individu.

Cet équilibre dépend également de l'harmonisation des différentes méthodes d'identification génétiques utilisées par les laboratoires, ce à quoi la procédure d'accréditation, ainsi que la surveillance à intervalles réguliers, permettent de remédier²².

L'agrément des laboratoires procédant à ces analyses était « *indispensable au regard de la fiabilité de la technique* » et permet de garantir « *les droits de la défense des parties au procès* »²³.

La proposition de loi initiale sanctionnait explicitement « *le fait de rechercher, sans être titulaire de l'agrément l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques* »²⁴.

Cette interdiction n'est pas reprise en ces termes dans les dispositions finales de la loi ADN de 1999. Le législateur souhaitait incriminer « *le fait d'effectuer de façon illégale une analyse ADN en matière pénale* »²⁵, ce qui sera précisé dans le 3^{ème} paragraphe de l'article 6 de la loi ADN²⁶.

0500.

La législation belge ne permet pas de recourir aux services de laboratoires locaux ni à leurs banques de données pour recouper les profils génétiques dans le cadre d'enquête pénale, sous peine de sanction pénale et d'irrecevabilité de la preuve.

¹⁹ Art. 7 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *op. cit.* et arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 30 mars 2002.

²⁰ L'arrêté royal du 4 février 2002 permet également l'échange de données avec des banques de données ADN étrangères ayant la même configuration technique que les laboratoires belges agréés.

²¹ B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, « Les banques nationales de données génétiques en Belgique. Un premier bilan de 10 ans d'activité. », *Rev. dr. pén.*, nov. 2013, n°11, p. 930.

²² *Doc. parl.*, chambre 1999, Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, 1047/1, p. 3.

²³ *Ibid.*, p. 7.

²⁴ *Ibid.*, p. 16.

²⁵ *Doc. parl.*, chambre 1999, Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, 1047/2, p. 28.

²⁶ Art. 6 de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *op. cit.*, : « *Sera puni d'un emprisonnement de six mois à cinq ans et d'une amende de 500 francs à 50 000 francs ou d'une de ces peines seulement, celui qui sciemment effectue ou fait effectuer une analyse ADN, au sens de l'article 44ter, § 1er, alinéa 1er, du Code d'instruction criminelle, hors les cas prévus par la loi ou sans respecter les formalités qu'elle prescrit* ».

Aujourd'hui, seuls cinq laboratoires agréés sont opérationnels en Belgique²⁷.

On pourrait se questionner sur les éventuels critères qui influenceraient le magistrat à recourir davantage aux services d'un laboratoire agréé plutôt qu'un autre.

Outre les méthodes d'analyse, le prix des analyses génétiques est également harmonisé par un arrêté royal²⁸.

L'éventuelle célérité de traitement pourrait influencer le choix du magistrat de faire intervenir un laboratoire plutôt qu'un autre bien que le délai imparti à l'expert pour qu'il fasse rapport au magistrat est délimité par la loi²⁹.

II. Écueils dénoncés

A. L'exploitation de banques de données récréatives

0600.

La législation belge ne permet pas l'intervention de laboratoires « concurrents » ni d'exploitation de bases de données « récréatives » dans le cadre d'enquête pénale.

Actuellement, les suspects sont identifiés car leur profil ADN est déjà répertorié dans la banque de données ADN (que ce soit par la commission précédente d'un crime et/ou délit que par les investigations policières).

Or, les banques de données ne recensent pas l'entière population des « criminels » et si l'enquête est infructueuse, les suspects restent inconnus³⁰.

0650.

De nombreuses banques de données dites « récréatives » voient le jour. Celles-ci sont alimentées volontairement par des individus qui souhaitent connaître leurs origines.

Une rapide recherche sur Internet suffit pour découvrir les démarches à suivre si l'envie nous prenait de découvrir un éventuel demi-frère, cousin éloigné ou encore nos parents biologiques³¹. Des kits sont proposés et mis en vente selon qu'il s'agisse d'un test de paternité, généalogique ou à des fins de dépistage génétique³².

²⁷ Arrêté ministériel du 25 août 2014 relatif à l'agrément du « FORENSISCH DNA - LABORATORIUM – UZA » en qualité de laboratoire d'analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 10 octobre 2014 ; Arrêté ministériel du 5 décembre 2014 relatif à l'agrément de l'Institut National de Criminalistique et de Criminologie - INCC" en qualité de laboratoire d'analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 27 janvier 2015 ; Arrêté ministériel du 29 janvier 2015 relatif à l'agrément du "Dienst Forensische Geneeskunde - KULeuven", *M.B.*, 4 février 2015 ; Arrêté ministériel du 10 juillet 2015 relatif à l'agrément du "Eurofins Forensics Belgium" en qualité de laboratoire d'analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 16 juillet 2015 ; Arrêté ministériel du 12 juin 2015 relatif à l'agrément du "Centre Wallon d'Identification de l'Institut de Médecine Légale de L'Université de Liège", *M.B.*, 25 juin 2015.

²⁸ Arrêté royal du 27 novembre 2015 portant exécution de l'article 6 de la loi-programme du 27 décembre 2006 fixant les tarifs pour les expertises en matière pénale pour l'analyse génétique requises par une autorité judiciaire, *M.B.*, 30 novembre 2015.

²⁹ Art. 44^{quater} §2 et 90^{undecies} §5 du Code d'instruction criminelle.

³⁰ M. KAYSER et P. SCHNEIDER, « DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: Motivations, scientific challenges, and ethical considerations », *Forensic Science International : Genetics*, 2009/3, 3, p. 155.

³¹ À titre exemplatif, J. BULANT, « Grâce à des tests ADN en kit, ils ont découvert le secret de leurs origines », 9 février 2022, disponible sur <https://www.bfmtv.com>, (consulté le 8 septembre 2023), M. ALLO, « Sites de généalogie : comment procèdent-ils ? Les tests ADN, sont-ils fiables et sûr ? », disponible sur <https://www.rtbf.be/article/sites-de-genealogie-comment-procedent-ils-les-tests-adn-sont-ils-fiables-et-surs-11186497>, (consulté le 8 septembre 2023).

³² À titre exemplatif, « Les meilleurs kits de test ADN de 2023. Prêt à découvrir vos origines ? », disponible sur <https://www.top10.com/dna-testing/>, (consulté le 8 septembre 2023) ; « EasyDNA », disponible sur <https://easy-dna.be/test-ascendance/>, (consulté le 8 septembre 2023).

De tels dépistages sont à portée d'un clic. L'échantillon communiqué sera croisé dans une banque de données recensant plus de 19,5 milliards de données parmi près de 2.114 régions du monde³³.

Assurément, l'utilisation de ces banques de données dans les enquêtes pénales est strictement interdite en Belgique. Toutefois, la réalisation de tels test n'est nullement sanctionnée. Au contraire du code pénal français qui interdit les tests ADN récréatifs³⁴.

La législation française prohibe l'identification génétique en dehors des situations autorisées, lesquelles sont listées de manière limitative et exhaustive³⁵.

Une telle interdiction générale n'existe pas en droit belge.

Il est donc possible de s'adresser à des hôpitaux pour qu'un test de paternité soit réalisé ou de se prêter à des tests ADN récréatifs. De telles démarches alimentent des banques de données récréatives dont l'exploitation aiderait, sans nul doute, de nombreuses enquêtes.

Une telle utilisation n'est pas permise et ce, même si ces données venaient à être rendues publiques.

Le législateur apporte une attention particulière aux techniques utilisées pour élaborer un profil, ceci d'autant que l'identification par ADN comporte toujours certains aléas.

La fiabilité même des résultats et des données présentes dans ces différentes banques de données « récréatives » n'est pas garantie.

Une exploitation aveugle de ces données à des fins d'enquête sans aucune harmonisation ni contrôle des techniques mettrait à mal les différents droits et intérêts en cause.

0700.

La volonté du législateur est de respecter les droits fondamentaux des individus. Qu'en serait-il lorsque ceux-ci se soumettent volontairement à la communication de leur données ADN, aussi sensibles soient-elles ?

Outre les banques de données récréatives où les résultats et techniques peuvent être aléatoires, d'autres banques de données existent en Belgique dont l'alimentation est balisée pour respecter les droits fondamentaux en cause.

En Flandre, un centre de filiation doté de sa propre banque de données ADN a été créé par le décret du 26 avril 2019³⁶.

Il s'agit d'un centre indépendant auquel peut s'adresser quiconque s'interroge sur sa filiation. Le centre se présente comme étant doté d'un fonctionnement intégré, associant la recherche à l'information, à l'accompagnement et à la sensibilisation.

³³ À titre exemplatif, <https://www.myheritage.fr>, (consulté le 8 septembre 2023).

³⁴ Article 226-28-1 du Code pénal français « le fait de rechercher l'identification par ses empreintes génétiques d'une personne **en dehors** des cas prévus à l'article 16-11 du code civil est puni d'un an d'emprisonnement ou de 15 000 euros d'amende. Est puni des mêmes peines le fait de divulguer des informations relatives à l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques ou de procéder à l'examen des caractéristiques génétiques d'une personne ou à l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques sans être titulaire de l'agrément prévu à l'article L. 1131-3 du code de la santé publique et de l'autorisation prévue à l'article L. 1131-2-1 du même code. »

³⁵ Article 16-11 du Code civil français.

³⁶ Décret du 26 avril 2019 portant création d'un centre de filiation et d'une banque de données ADN, *M.B.*, 17 juin 2019 et l'arrêté du gouvernement flamand du 8 mai 2020 portant exécution du décret du 26 avril 2019 portant création d'un centre de filiation et d'une banque de données ADN, *M.B.*, 16 juin 2020.

Le décret prévoit la suppression du profil ADN et des données à caractère personnel y liée après cent ans ou à la demande de l'utilisateur auquel elles se rapportent³⁷.

Seul un laboratoire agréé effectuera les analyses ADN. Celui-ci sera « *accrédité selon les normes de qualité en vigueur et qui, le cas échéant, répond aux normes techniques spécifiées par le Gouvernement flamand* »³⁸.

Une telle accréditation permet de pallier le manque de contrôle des techniques utilisées par les autres laboratoires « récréatifs », assurant une certaine qualité de résultat.

D'autres banques de données existent également³⁹, leur exploitation permettrait assurément de remédier aux impasses dans lesquelles se retrouvent certaines enquêtes faute d'enregistrement suffisant de personnes suspectes dans la banque de données nationales.

Il est plutôt paradoxal d'observer une protection renforcée des droits fondamentaux par le législateur en ce qui concerne l'utilisation de l'ADN dans le domaine pénal, tandis qu'un vide juridique évident persiste en ce qui concerne l'alimentation des bases de données récréatives.

B. Le prélèvement de masse sous contrainte

0800.

L'ordre de prélèvement sous contrainte est subordonné à l'existence de liens directs avec l'enquête ceci afin d'empêcher toute « pêche à l'aveuglette »⁴⁰.

La législation actuelle autorise les prélèvements ADN sous contrainte tant à l'égard de personnes suspectes que non suspectes, pour autant qu'elles présentent des indices d'implication directs avec l'enquête. Un tel ordre de prélèvement ne peut être émis pour des individus qui pourraient être impliqués dans une infraction déterminée sans qu'aucun indice direct de culpabilité n'existe encore à leur encontre⁴¹.

Il peut être crucial pour le déroulement de certaines enquêtes de procéder à un examen exploratoire d'un groupe de personnes défini selon un critère tel que la proximité géographique. Or, un tel mécanisme est conditionné à l'existence d'indices de culpabilité à l'égard des individus de ce groupe ainsi que l'accord de ces personnes sur ce prélèvement.

D'aucuns critiquent cette restriction législative. Une proposition de loi a été déposée le 21 janvier 2021 pour permettre aux autorités, moyennant le respect de conditions strictes, de prélever un échantillon de référence même en l'absence d'indices sérieux de culpabilité⁴².

³⁷ Art. 22 du décret du 26 avril 2019 portant création d'un centre de filiation et d'une banque de données ADN, *op. cit.*

³⁸ Art. 10.2°, du décret du 26 avril 2019 portant création d'un centre de filiation et d'une banque de données ADN, *op. cit.*

³⁹ À titre exemplatif, citons l'office national des étrangers qui dispose également d'une base de données regroupant les tests ADN réalisés dans le cadre du regroupement familial.

⁴⁰ Circulaire n°COL 21/2013 du Collège des procureurs généraux près les cours d'appel, 19 décembre 2013 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, www.om-mp.be (version 2023), p. 69.

⁴¹ V. LAFARQUE, « Vers un élargissement des prélèvements ADN ? », *B.J.S.*, 2021/668, p. 16.

⁴² *Doc. parl.*, chambre 2021, proposition de loi modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique, 1756/001.

Les auteurs de cette proposition de loi prennent l'exemple d'une enquête pour viol où l'auteur avait été identifié par la réalisation de tests volontaires sur 150 hommes résidant dans une zone géographique délimitée⁴³.

Ils dénoncent l'impasse dans laquelle sont conduites certaines enquêtes, faute de cadre législatif permettant de contraindre des personnes présentant un lien indirect avec l'enquête de se soumettre à un prélèvement ADN.

À leur sens, pareille situation est « *injustifiable au regard de la protection de la société en cas d'infractions très graves où il est à craindre que de nouveaux actes soient commis* »⁴⁴.

Ils proposent l'instauration d'un article 90*tredecies*⁴⁵ dans le Code d'instruction criminelle qui permettrait au Juge d'instruction d'ordonner, sous la contrainte en cas de refus, le prélèvement d'un échantillon ADN pour des infractions graves.

Les auteurs précisent qu'un tel prélèvement ADN sur des suspects potentiels ne serait limité qu'à des cas exceptionnels où les pistes d'enquête sont épuisées et qu'il ne resterait que ce mécanisme pour faire progresser l'enquête⁴⁶.

Cet article présentait les garanties suffisantes pour protéger l'équilibre entre la recherche de la vérité et la protection des droits fondamentaux. Il ne s'apparenterait en rien à une « pêche à l'aveuglette », proscrite par le collège des Procureurs, selon ses auteurs.

Précisons que dans la proposition d'article, le groupe de personnes qui seraient soumis à un tel prélèvement n'est nullement délimité. Aucun critère de rattachement, même indirect, avec l'enquête n'est repris dans cette disposition.

Or, le Collège des Procureurs généraux entendait empêcher la réalisation d'examen exploratoire d'une partie de la population en se basant, notamment, sur un critère vague.

En l'espèce, les auteurs de la proposition de loi ont fait fi du critère de rattachement nécessaire à la détermination du groupe cible. Il en est d'autant plus ainsi que le Collège

⁴³ *Ibid.*, p. 4.

⁴⁴ *Ibid.*, p. 5.

⁴⁵ Libellé de l'article 90*tredecies* : « § 1er. S'il s'agit d'un fait tel que visé à l'article 5, § 1er, alinéa 3, de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, le juge d'instruction peut ordonner le prélèvement d'un échantillon de référence sur un plus grand groupe de personnes non visées à l'article 90*undecies* aux fins de comparaison avec les traces déjà découvertes dans le cadre de cette affaire. Dans son ordonnance motivée, qu'il communique au procureur du Roi, le juge d'instruction indique: 1° les circonstances de l'affaire dans le cadre de laquelle le prélèvement est ordonné; 2° la nécessité de recourir à la contrainte et les conséquences d'un refus de se soumettre au prélèvement; 3° la comparaison du profil ADN avec les profils ADN des traces découvertes dans le cadre de cette affaire; 4° le fait que le profil ADN ne sera pas transmis au gestionnaire des banques nationales de données ADN, aux fins de comparaison ou d'enregistrement.

§ 2. Avant d'ordonner le prélèvement sous la contrainte, le juge d'instruction entend la personne qui doit en faire l'objet et il l'informe des 1° à 4° énumérés au § 1er, alinéa 2. Les motifs de l'éventuel refus de prélèvement sont actés par le juge d'instruction dans le procès-verbal d'audition.

§ 3. Le prélèvement, l'établissement du profil ADN de l'échantillon de référence, la comparaison des profils ADN, la transmission des résultats au juge d'instruction, la notification des résultats à la personne concernée, la contre-expertise et la destruction de l'échantillon de référence et des échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN, sont effectués conformément à l'article 90*undecies*, §§ 2 à 5 et § 8. La qualité de la personne est communiquée à l'expert chargé de réaliser la comparaison des profils ADN.

§ 4. Si, dans le cadre d'un dossier d'attentat à la pudeur ou de viol, le juge d'instruction décide de ne pas faire établir de profil ADN de traces ou d'un échantillon de référence découverts ou prélevés lors de l'exploration corporelle de la victime, visée à l'article 90*bis*, il fournit à ce sujet des explications à la victime à la fin de l'instruction.

§ 5. Une personne ne peut pas être soupçonnée uniquement sur la base du refus de se soumettre au prélèvement d'ADN ».

⁴⁶ *Doc. parl.*, chambre 2021, proposition de loi modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique, 1756/001, p. 8.

précisait l'importance du critère de rattachement des individus soumis à un prélèvement à des éléments concrets de l'enquête.

Cette proposition de loi n'a toujours pas fait l'objet de débat à la Chambre, mais devra certainement être revue dans son libellé.

Bibliographie

Législation

Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 199 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 30 mars 2002.

Arrêté royal du 27 novembre 2015 portant exécution de l'article 6 de la loi-programme du 27 décembre 2006 fixant les tarifs pour les expertises en matière pénale pour l'analyse génétique requises par une autorité judiciaire, *M.B.*, 30 novembre 2015.

Arrêté ministériel du 25 août 2014 relatif à l'agrément du « FORENSISCH DNA - LABORATORIUM – UZA » en qualité de laboratoire d'analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 10 octobre 2014.

Arrêté ministériel du 5 décembre 2014 relatif à l'agrément de l'« Institut National de Criminalistique et de Criminologie - INCC » en qualité de laboratoire d'analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 27 janvier 2015.

Arrêté ministériel du 29 janvier 2015 relatif à l'agrément du "Dienst Forensische Geneeskunde - KULeuven", *M.B.*, 4 février 2015.

Arrêté ministériel du 12 juin 2015 relatif à l'agrément du « Centre Wallon d'Identification de l'Institut de Médecine Légale de L'Université de Liège », *M.B.*, 25 juin 2015.

Arrêté ministériel du 10 juillet 2015 relatif à l'agrément du « Eurofins Forensics Belgium » en qualité de laboratoire d'analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 16 juillet 2015.

Arrêté du gouvernement flamand du 8 mai 2020 portant exécution du décret du 26 avril 2019 portant création d'un centre de filiation et d'une banque de données ADN, *M.B.*, 16 juin 2020.

Décret du 26 avril 2019 portant création d'un centre de filiation et d'une banque de données ADN, *M.B.*, 17 juin 2019.

Circulaires

Circulaire n°COL 21/2013 du Collège des procureurs généraux près les cours d'appel, 19 décembre 2013 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, www.om-mp.be (version 2023).

Documents parlementaires

Doc. parl., chambre 1999, Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, 1047/1

Doc. parl., chambre 1999, Proposition de loi relative à la procédure d'identification par analyses génétiques dans le cadre de la justice pénale, 1047/2.

Doc. parl., chambre 2021, proposition de loi modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique, 1756/001.

Articles de doctrine

KAYSER M. et SCHNEIDER P., « DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: Motivations, scientific challenges, and ethical considerations », *Forensic Science International : Genetics*, 2009/3, 3, p. 154-161.

LAFARQUE V., « Vers un élargissement des prélèvements ADN ? », *B.J.S.*, 2021/668, p. 16.

RENARD B., DUBOCCAGE L., JEUNIAUX P. et VANVOOREN V., « Les banques nationales de données génétiques en Belgique. Un premier bilan de 10 ans d'activité », *Rev. dr. pén.*, nov. 2013, n°11, pp. 927-961.

Autres

ALLO M., « Sites de généalogie : comment procèdent-ils ? Les tests ADN, sont-ils fiables et sûr ? », disponible sur <https://www.rtbef.be/article/sites-de-genealogie-comment-procedent-ils-les-tests-adn-sont-ils-fiables-et-surs-11186497>, (consulté le 8 septembre 2023).

BULANT J., « Grâce à des tests ADN en kit, ils ont découvert le secret de leurs origines », 9 février 2022, disponible sur <https://www.bfmtv.com>, (consulté le 8 septembre 2023).

« Les meilleurs kits de test ADN de 2023. Prêt à découvrir vos origines ? », disponible sur <https://www.top10.com/dna-testing/>, (consulté le 8 septembre 2023).

«EssayDNA », disponible sur <https://easy-dna.be/test-ascendance/>, (consulté le 8 septembre 2023).

Note sur l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux

Les expertises génétiques ont acquis une place singulière au sein des procédures pénales, la preuve ADN étant souvent présentée comme la « reine des preuves » et bénéficiant d'une perception très favorable à la fois dans l'opinion publique mais également auprès de nombreux acteurs de terrain. Toutefois, selon Bruno Py, la perception que l'on a de la preuve ADN est souvent idéalisée et son utilité doit être relativisée ou en tout cas conduire à mettre en balance les différents intérêts en cause, qu'ils soient économiques, juridiques, scientifiques ou sociaux¹.

Le sujet est d'autant plus brûlant que les progrès de la science en matière d'exploitation de l'ADN sont constants et que de nouvelles techniques, voyant régulièrement le jour, sont utilisées dans le cadre d'affaires pénales. Dans ce domaine comme dans d'autres la science est en avance sur le droit et le législateur intervient souvent avec retard alors que certaines techniques sont déjà utilisées en pratique sans pour autant être spécifiquement réglementées.

C'est notamment le cas concernant le recours aux analyses faisant appel aux marqueurs de lignée, à savoir les analyses du chromosome Y et de l'ADN mitochondrial, mais également des recherches familiales. L'ensemble de ces techniques a pour objet, comme nous le verrons par après, d'établir des liens familiaux entre des personnes lorsque leurs profils génétiques sont comparés.

¹ B. PY. « L'utilisation des caractéristiques génétiques dans les procédures judiciaires », rapport de recherche, mission de recherche Droit et Justice, 2017, pp. 87-107, disponible à l'adresse <https://shs.hal.science/halshs-01592777/document>

Depuis quelques années, certains pays européens ont légiféré pour réglementer l'utilisation de ces techniques. C'est notamment le cas en France qui, depuis une loi de 2016², autorise les expertises ADN aux fins de recherches familiales, autrement appelées recherches en parentèle³.

La recherche familiale permet de découvrir, à partir de l'ADN d'une personne dont le profil ADN est enregistré dans un fichier, l'auteur de l'infraction lorsque celui-ci est l'un de ses proches⁴. L'hypothèse est celle de la découverte d'une trace ADN sur le lieu d'une infraction (ou bien sur un objet ou encore une victime) dont l'exploitation ne permet pas d'identifier l'auteur des faits, notamment parce que le profil de ce dernier n'est pas enregistré dans une banque de données. Ainsi, plutôt que de chercher une concordance parfaite avec un profil ADN provenant de ladite banque de données, l'objectif sera d'établir une concordance partielle qui indiquerait que l'auteur des faits possède des caractéristiques génétiques proches de l'une des personnes fichées⁵ puisqu'il lui est apparenté. Cette nouvelle technique de la recherche familiale consiste, selon Claudia Riccardi et Ludivine Richefeu, en une utilisation prédictive de l'ADN, ce dernier n'étant plus utilisé seulement pour prouver la culpabilité d'une personne mais pour trouver l'auteur d'une infraction⁶.

La législation belge n'encadre par précisément le recours à ces techniques permettant d'établir des liens familiaux, qu'il s'agisse du recours aux marqueurs de lignée ou de la recherche familiale plaçant ainsi les acteurs de terrain dans une situation de vide juridique (I). Sur la

² Loi n° 2016-731 du 3 juin 2016 renforçant la lutte contre le crime organisé, le terrorisme et leur financement, et améliorant l'efficacité et les garanties de la procédure pénale, qui a introduit un article 706-56-1-1 dans le Code de procédure pénale français. Selon ce texte, lorsque les nécessités d'une enquête ou d'une information l'exigent concernant certains crimes limitativement énumérés, le procureur de la République ou, après avis de celui-ci, le juge d'instruction, peut requérir le service gestionnaire du fichier afin qu'il procède à une comparaison entre l'empreinte génétique d'une trace biologique issue d'une personne inconnue et les empreintes génétiques contenues dans ledit fichier, aux fins de recherche de personnes pouvant être apparentées en ligne directe à cette personne inconnue.

³ Cette expression est utilisée en France par la doctrine et la jurisprudence.

⁴ C. RICCARDI et L. RICHEFEU, « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2, p. 331, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-de-science-criminelle-et-de-droit-penal-compare-2018-2-page-331.htm>.

⁵ C. RICCARDI et L. RICHEFEU, « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2, p. 338, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-de-science-criminelle-et-de-droit-penal-compare-2018-2-page-331.htm>.

⁶ C. RICCARDI et L. RICHEFEU, « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2, p. 331, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-de-science-criminelle-et-de-droit-penal-compare-2018-2-page-331.htm>.

question, plus précise, des recherches familiales, il apparaît qu'elle a démontré son intérêt dans la résolution de certaines affaires judiciaires. Cette technique interroge toutefois quant à sa fiabilité et fait l'objet de critiques pour les atteintes qu'elle peut porter à certains droits et libertés fondamentaux (II). Se pose ainsi la question de l'opportunité de l'intégration de ces nouvelles pratiques dans le système judiciaire belge et aux garanties qui pourraient l'entourer (III).

I. L'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux

A. Les modalités de l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux

L'ADN mitochondrial (ou ADNmt) est situé dans les mitochondries. Transmis uniquement par la mère, il est identique pour une même lignée maternelle⁷. Le chromosome Y est lui exclusivement d'origine paternelle et est identique pour une même lignée paternelle⁸. Les analyses du chromosome Y et de l'ADN mitochondrial correspondent à ce que l'on appelle les marqueurs de lignée. Ils permettent d'établir des liens familiaux entre deux profils ADN et nécessitent obligatoirement une comparaison avec des prélèvements de référence⁹.

Les marqueurs de lignée ne sont pas enregistrés dans les banques de données ADN belges, puisque, comme nous le verrons plus loin, ils ne font pas l'objet d'un encadrement juridique spécifique. Il en résulte que les informations génétiques qui en découlent pourront être comparées par l'expert à condition de disposer de tous les échantillons (ou leurs résultats au même format) de référence d'un même dossier¹⁰. Elles feront ainsi l'objet d'une comparaison simplement au niveau d'une affaire et non avec une banque de données.

⁷ C. JALBY, *La police technique et scientifique*, Presses Universitaires de France, 2017, p. 68

⁸ A. STEVANOVITCH, « L'identification individuelle à partir d'ADN et d'ossements : les dessous du travail de la police scientifique », *Corps*, 2019/1, n°17, p. 200, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-corps-2019-1-page-199.htm>.

⁹ E. PHAM-HOAI, A. PUSSIAU et J-Y. CURCI, « ADN, une perpétuelle avancée », *Revue francophone des laboratoires*, février 2007, p. 75, disponible à l'adresse <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1773035X1730031X>.

¹⁰ Ce constat, fait pour la France, est déclinable à la situation belge (Voy. E. PHAM-HOAI, A. PUSSIAU et J-Y. CURCI, « ADN, une perpétuelle avancée », *Revue francophone des laboratoires*, février 2007, p. 75, disponible à l'adresse <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1773035X1730031X>).

La recherche familiale quant à elle est tout d'abord réalisée sur la base de l'ADN autosomal, lequel est composé pour moitié de l'ADN paternel et pour l'autre moitié de l'ADN maternel. Ainsi, comme l'explique Catherine Bourgain, en chaque point de l'ADN un individu possède une copie qu'il a reçue de son père et une copie qu'il a reçue de sa mère. Pour conclure à un lien filial entre deux individus à partir de l'analyse de leurs empreintes génétiques il faut, pour chacun des segments qui les composent, que les deux profils génétiques présentent au moins un allèle identique¹¹. Le profil inconnu prélevé sur une scène d'infraction (trace) est alors comparé avec les profils ADN contenus dans une banque de données. Les profils présentant des ressemblances au sein de ce fichier sont triés et communiqués sous la forme d'une liste. Le possible lien de parenté pourra ensuite être confirmé par la réalisation d'analyses complémentaires faisant appel aux marqueurs de lignée, à savoir les analyses du chromosome Y et de l'ADN mitochondrial¹². Ces analyses complémentaires permettront de réduire la liste des profils présentant des ressemblances avec le profil inconnu issu d'une trace.

B. L'absence de dispositions spécifiques à l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux en droit belge

Les analyses de l'ADN mitochondrial et de l'ADN du chromosome Y sont parfois utilisées dans certains dossiers judiciaires mais la législation belge n'encadre pas précisément leur usage. Seule l'annexe à l'arrêté royal du 4 février 2002¹³ apporte une précision, indiquant que l'ADN mitochondrial peut être déterminé à titre de test complémentaire mais pas comme méthode comparative au sens de la loi précitée¹⁴.

¹¹ C. BOURGAIN, « Nouveaux usages de l'ADN en matière pénale : promesses, savoirs et pratiques », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 9/2019, p. 85, disponible à l'adresse <https://journals.openedition.org/cdst/1081>.

¹² E. PHAM-HOAI, A. PUSSIAU et J-Y. CURCI, « ADN, une perpétuelle avancée », *Revue francophone des laboratoires*, février 2007, p. 75, disponible à l'adresse <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1773035X1730031X>.

¹³ Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 mars 2002.

¹⁴ Bertrand Renard a toutefois pu relever que l'article 8§2 dudit arrêté royal du 4 février 2002 prévoit que « *dans l'hypothèse où aucun résultat n'a été obtenu pour les cellules prélevées ou si le profil ADN ne fournit pas assez d'informations pour pouvoir procéder à une comparaison, l'expert informe le procureur du Roi ou le juge d'instruction des autres techniques ADN qui pourraient être utilisées pour néanmoins pouvoir effectuer éventuellement une comparaison* ». Voy. B. RENARD, « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », *op. cit.*, p. 337.

En revanche, aucune précision n'est apportée par la loi belge quant à la possibilité de réaliser des recherches familiales. L'article 3 de la loi relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale¹⁵, en sa rédaction actuelle, précise tout au plus que l'analyse ADN et la comparaison de profils ADN peuvent uniquement être effectuées dans le cadre de procédures pénales, afin de permettre d'identifier directement ou indirectement les personnes impliquées dans la commission d'une infraction, de lever les soupçons qui pèsent sur d'autres personnes ou de prouver leur innocence. Le texte ajoute que l'analyse ADN et la comparaison de profils ADN peuvent également être effectuées afin de permettre d'identifier directement ou indirectement des personnes décédées inconnues ou de faciliter la recherche de personnes disparues. Le terme indirectement, selon l'interprétation qui peut en être faite par un magistrat, semble ouvrir la possibilité d'une recherche familiale.

Que ce soit pour l'utilisation des marqueurs de lignée ou pour la recherche familiale, le législateur belge va être amené à se prononcer prochainement afin d'aligner la législation relative à l'utilisation de l'ADN en matière pénale avec les progrès de la science. Il y a lieu, dans ce cadre, d'examiner les doutes émis par certains quant à la fiabilité de ces nouvelles techniques et, concernant la recherche familiale en particulier, de s'interroger sur les risques d'atteintes à certains droits et libertés fondamentaux.

¹⁵ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 20 mai 1999, article 3.

II. Les écueils dénoncés concernant l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement des liens familiaux

A. La question de la fiabilité des expertises ADN visant à établir des liens familiaux

Une première difficulté unanimement mise en lumière par la doctrine concernant les expertises ADN visant à établir des liens familiaux est la question de leur fiabilité.

Dans le cadre de l'expertise aux fins de recherches familiales réalisée sur la base de l'ADN autosomal, il faut avoir en mémoire que, pour reprendre les termes de Catherine Bourgain, le fait de partager les mêmes allèles peut résulter du hasard. Lorsqu'un allèle est fréquent, des individus peuvent le partager sans être apparentés¹⁶. L'auteur tempère toutefois en indiquant que le nombre et le choix des segments utilisés pour ce type d'expertises permettent de limiter significativement les risques de conclure faussement à un lien de filiation direct et, encore plus, de l'exclure à tort¹⁷.

Ces risques sont d'autant plus importants dans le cadre de l'utilisation de l'ADN mitochondrial. C'est l'analyse de Catherine Ménabé qui considère que le recours à l'ADN mitochondrial, notamment utilisé dans le cadre des recherches familiales, est une illustration de cette problématique de fiabilité. Elle précise en effet que cet ADN, commun à tous les membres d'une fratrie issue de la même mère, est un « substitut » à l'ADN autosomal lorsque ce dernier ne peut être exploité, mais qu'il ne peut s'agir que d'une comparaison avec le profil d'un individu identifié (puisque'il n'y pas de fichage des mitochondries) et qui n'aboutit pas à une identification de celui-ci (puisque cet ADN est commun à ses frères et sœurs)¹⁸.

¹⁶ C. BOURGAIN, « Nouveaux usages de l'ADN en matière pénale : promesses, savoirs et pratiques », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 9/2019, p. 85, disponible à l'adresse <https://journals.openedition.org/cdst/1081>.

¹⁷ C. BOURGAIN, « Nouveaux usages de l'ADN en matière pénale : promesses, savoirs et pratiques », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 9/2019, p. 85, disponible à l'adresse <https://journals.openedition.org/cdst/1081>.

¹⁸ C. MENABE, « L'ADN, la reine des preuves imparfaites », *Médecine & Droit*, 2020, p. 132, disponible à l'adresse <https://doi.org/10.1016/j.meddro.2020.05.002>.

B. Les risques d'atteintes à certains droits et libertés fondamentaux dans le cadre des recherches familiales

L'avènement de la recherche familiale dans le cadre de l'exploitation de l'ADN en matière pénale a conduit de nombreux auteurs à s'inquiéter des risques d'atteintes aux droits et libertés fondamentaux par cette technique. Il s'agit singulièrement du droit à la vie privée et de l'interdiction de la discrimination.

La recherche familiale interroge tout d'abord sur le terrain du respect de la vie privée, protégé par l'article 8 de la convention européenne des droits de l'Homme. Comme l'indique Frédéric Desportes, avocat général à la chambre criminelle de la Cour de cassation française, cité par Elsa Supiot, la recherche en parentèle « *revient à un fichage indirect des personnes qui se trouvent dans l'entourage parental des personnes fichées* ». Or pour être conforme à l'article 8 précité, un tel fichage doit être prévu par la loi, poursuivre un objectif conforme à ceux visés par ledit article et ne doit porter à la vie privée des personnes qu'une atteinte proportionnée à cet objectif¹⁹. La Cour européenne des droits de l'homme a d'ailleurs eu l'occasion de préciser, dans un arrêt *Marper c. Royaume-Uni* du 4 décembre 2008, qu'une conservation générale et indifférenciée, sans limitation de temps, d'empreintes digitales, échantillons biologiques et profils ADN de personnes soupçonnées d'avoir commis des infractions mais non condamnés violait l'article 8 de la convention européenne des droits de l'Homme²⁰.

La recherche familiale inquiète ensuite quant aux discriminations qu'elle peut engendrer. Ainsi, selon Elsa Supiot, les personnes apparentées génétiquement à une personne fichée dans une banque de données ADN ne sont pas fichées à titre personnel mais se trouvent plus facilement placées sous le regard des forces de l'ordre et sont plus susceptibles d'être l'objet de mesures d'investigations. Elle souligne encore qu'aux Etats-Unis de nombreux auteurs se sont inquiétés du renforcement des discriminations sociales et raciales du fait de la recherche en parentèle. Les populations noires et hispaniques, surreprésentées dans les fichiers de police, se trouveraient sous une forme de surveillance accrue de la police. Elle estime qu'une conclusion similaire peut être faite à propos des origines sociales en France, le FNAEG comportant une

¹⁹ E. SUPIOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, p. 41.

²⁰ C. AMBROISE-CASTEROT, « Le FNAEG, un outil de fichage au service des enquêtes », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, septembre 2019, p. 31, disponible à l'adresse <https://journals.openedition.org/cdst/1020>.

surreprésentation d'une population jeune, masculine et issue de quartiers socialement moins favorisés²¹.

III. De strictes garanties devant entourer l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux

Si le législateur belge fait le choix d'un encadrement précis de l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux, il ne pourra, face aux écueils dénoncés quant à cette nouvelle pratique, faire l'économie d'assortir la législation à venir de strictes et solides garanties.

La première d'entre elles concerne le caractère subsidiaire de l'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux, que ce soit pour l'utilisation des marqueurs de lignée dans une affaire en particulier ou bien dans le cadre d'une recherche familiale. Ces techniques devraient être subsidiaires aux techniques classiques d'exploitation de l'ADN autosomal puisqu'elles sont moins discriminantes.

Le nombre et le choix des segments d'ADN utilisés devront être prévus de manière précise. Cela diminue considérablement le risque d'obtenir des faux positifs²². Elsa Supiot donne l'exemple de la France, où le nombre et la nature des segments d'ADN non codants nécessaires à la réalisation des rapprochements en parentalité dans le FNAEG pose certaines exigences relatives à l'empreinte inconnue pour admettre la réalisation d'une recherche en parentèle. L'utilisation d'une trace inconnue composée d'un mélange d'ADN aux fins de recherche en parentèle y est par ailleurs proscrite²³.

Un autre critère tient à la détermination de l'étendue de la recherche familiale. En France, il a été fait le choix de limiter la recherche en parentèle aux individus apparentés en ligne directe avec la personne recherchée²⁴. Cela réduit les recherches aux ascendants ou aux descendants de l'individu étant à l'origine de la trace biologique retrouvée sur la scène de crime. L'objectif est

²¹ E. SUPIOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, pp. 43-44.

²² C. BOURGAIN, « Nouveaux usages de l'ADN en matière pénale : promesses, savoirs et pratiques », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 9/2019, p. 85, disponible à l'adresse <https://journals.openedition.org/cdst/1081>.

²³ E. SUPIOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, pp. 42-43.

²⁴ Article 706-56-1-1 dans le Code de procédure pénale français.

ici encore celui de la fiabilité des résultats obtenus puisque le patrimoine génétique partagé entre deux individus d'une même famille est d'autant moins important qu'ils sont séparés par un nombre important de génération²⁵ ou qu'ils sont en ligne collatérale (les frères et sœurs). Toutefois, Elsa Supiot a pu mettre en garde sur le choix de l'expression « apparentés en ligne directe » puisque la ligne directe désigne l'enchaînement des générations. Ainsi, cela pourrait laisser penser que les recherches familiales peuvent concerner des individus séparés par plusieurs générations alors même que telle n'était pas l'intention du législateur. Il paraît dès lors plus opportun de nommer précisément les personnes concernées par de telles recherches familiales et de les limiter aux pères, mères et enfants²⁶.

Un autre point important relève de la population de référence utilisée aux fins de réaliser une recherche familiale. En effet, la recherche familiale est déconseillée dans des banques de données contenant un grand nombre de profils : plus le nombre de profils ADN enregistrés est important et plus le nombre de faux positifs le sera également. Pour éviter cela, une solution consiste à ne réaliser la recherche familiale que sur les données obtenues dans le cadre de l'affaire concernée. Il s'agira d'organiser, par exemple, un prélèvement de masse sur une portion de la population, cette dernière étant déterminée selon les informations obtenues au cours de l'enquête²⁷. L'Allemagne a d'ailleurs fait le choix de n'autoriser le recours aux recherches familiales qu'en mesure complémentaire d'un prélèvement de masse réalisé sur une population déterminée au regard des besoins de l'enquête²⁸.

²⁵ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, p. 42.

²⁶ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, p. 42.

²⁷ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, pp. 44-45.

²⁸ E. SUPLOT, « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d'une pratique », *Droits*, 2021/1 (n°73), p. 137.

Bibliographie

Législation

Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M.B.*, 20 mai 1999.

Arrêté royal du 4 février 2002 pris en exécution de la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 mars 2002.

Loi n° 2016-731 du 3 juin 2016 renforçant la lutte contre le crime organisé, le terrorisme et leur financement, et améliorant l'efficacité et les garanties de la procédure pénale.

Doctrine

AMBROISE-CASTEROT C., « Le FNAEG, un outil de fichage au service des enquêtes », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, septembre 2019

BOURGAIN C., « Nouveaux usages de l'ADN en matière pénale : promesses, savoirs et pratiques », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, 9/2019

JALBY C., *La police technique et scientifique*, Presses Universitaires de France, 2017

MENABE C., « L'ADN, la reine des preuves imparfaites », *Médecine & Droit*, 2020

PHAM-HOAI E., PUSSIAU A. et CURCI J-Y., « ADN, une perpétuelle avancée », *Revue francophone des laboratoires*, février 2007

PY, B. « L'utilisation des caractéristiques génétiques dans les procédures judiciaires », rapport de recherche, mission de recherche Droit et Justice, 2017

RENARD B., « Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale », thèse de doctorat, 2008

RICCARDI C. et RICHEFEU L., « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2

STEVANOVITCH A., « L'identification individuelle à partir d'ADN et d'ossements : les dessous du travail de la police scientifique », *Corps*, 2019/1, n°17

SUPIOT E., « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d'une pratique », *Droits*, 2021/1 (n°73)

SUPIOT E., « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1

Note sur la déduction d'origines ethno-géographiques à partir des marqueurs génétiques STR

I. Rappel sur la création d'un profil ADN

0111.

En matière pénale, l'exploitation de l'ADN repose sur le principe de comparaison. Le « profil de trace »¹ est comparé avec le « profil de référence »². À l'issue de cette comparaison, il peut être établi, avec une certaine probabilité, qu'un seul donneur est, ou non, vraisemblablement à l'origine de ces deux profils³. Ces profils sont ensuite conservés au sein de la banque de données génétique⁴ et ne seront utilisés qu'aux seules fins d'identification par le mécanisme de comparaison.

De telles identifications s'établissent grâce aux probabilités et comportent, partant, toujours un degré d'incertitude⁵. Or, aujourd'hui, les preuves génétiques sont devenues essentielles pour les enquêtes criminelles⁶. La preuve par ADN est, d'ailleurs, considérée comme la « reine des preuves »⁷. Une telle considération lui confère une valeur probante élevée qui fait assurément fi du degré d'incertitude qui, pourtant, la caractérise.

0122.

Un profil génétique représente une caractérisation particulière de l'ADN, molécule complexe présente dans chaque cellule humaine, support de l'information génétique. Il se décrit comme un séquence de quatre lettres (A,C,T,G)⁸. Aujourd'hui, seul l'ADN non codant est analysé⁹.

L'ADN présente des séquences répétitives courtes de ces quatre lettres, nommées STR (« Short Tandem Repeats »). Celles-ci présentent une certaine longueur ainsi qu'une certaine

¹ Il s'agit du « profil dressé depuis une analyse génétique réalisée sur un échantillon de cellules humaines prélevées sur des traces découvertes sur les lieux d'une infraction », selon la définition octroyée par B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, « Les banques nationales de données génétiques en Belgique. Un premier bilan de 10 ans d'activité. », *Rev. dr. pén.*, 2013/11, p. 928.

² Défini comme étant « le profil dressé depuis un échantillon de cellules humaines prélevées sur une personne déterminée et identifiée », B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, *op. cit.*, p. 928.

³ B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, *op. cit.*, p. 928 précisent que « L'identification directe établissant la correspondance entre un profil de trace et un profil de référence se distingue d'une identification indirecte établissant la correspondance entre deux ou plusieurs profils de traces. Ces deux identifications comportent un degré d'incertitude car elles s'établissent à l'aide de probabilités ».

⁴ Selon le contexte de l'établissement du profil ADN en matière pénale, celui-ci sera enregistré dans une des quatre banques de données, soit la banque de données ADN « Criminalistique », « Condamnés », « Personnes disparues » ou, quand elle sera officiellement instituée, la banque de données « Intervenants ».

⁵ B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, *op. cit.*, p. 928.

⁶ T. OOSTHUIZEN et L. HOWES, « The development of forensic DNA analysis : New debates on the issue of fundamental human rights », *Forensic Science International : Genetics*, 2022/56, 102606, p. 1.

⁷ H. SOLETO MUNOZ et A. FIODOROVA, « DNA and Law Enforcement in the European Union Tools and Human Rights Protection », vol. 10, janvier 2014, p. 149 ; M.-A. GRIMAUD, « Les enjeux de la recevabilité de la preuve par ADN dans le système pénal canadien », *R.D.U.S.*, 1994, p. 294.

⁸ Il s'agit des nucléotides présents entre deux protéines dont on pense qu'elles ne comportent aucune information génétique. À l'inverse de l'ADN codant qui comprend les séquences portant l'information génétique des protéines (R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *Preuve par l'ADN. La génétique au service de la justice*, Lausanne, Presses polytechniques et universitaires romandes, pp. 23-24 et B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, *op. cit.*, p. 932). Nous ne nous attarderons pas, dans la présente contribution, sur l'éventuel obsolescence de cette distinction.

⁹ L'article 44ter du Code d'instruction criminelle qui ne prévoit l'établissement d'un profil ADN qu'à partir exclusivement de séquences non codantes du patrimoine génétique, bien qu'aucune définition législative ne soit octroyée à ces caractères « codant vs non-codant ».

taille. L'ADN humain présenterait plus de 50.000 STR. Ces répétitions sont propres à chaque individu ou certaines catégories de la population¹⁰.

Dès le moment où une zone de l'ADN manifeste des différences individuelles propres, soit des polymorphismes, cela signifie que cette zone existe en au moins deux, voire plusieurs variantes dans la population. L'allèle est l'une des deux ou plusieurs variantes d'un caractère génétique polymorphe¹¹.

Les profils génétiques sont établis selon l'ensemble des répétitions observées sur les loci, lieux géographiques de localisation d'une fréquence de répétitions¹². Selon les standards européens, 12 loci sont analysés¹³, offrant une base commune de comparaison.

La comparaison entre deux profils génétiques consiste à vérifier la correspondance de la valeur des répétitions reprise sur les loci communs, ces répétitions variant d'un individu à un autre. Il sera, ensuite, établi la probabilité qu'une personne soit à l'origine des deux profils comparés mais aussi la probabilité que deux personnes en soient à l'origine¹⁴.

Cela étant, la valeur probante de cette comparaison dépend de plusieurs facteurs, seuls certains seront repris.

0133.

L'ensemble des marqueurs génétiques¹⁵ ne sont pas analysés. Comme repris *supra*, le consensus européen se limite à l'examen de 12 loci contrevenant à l'établissement d'un profil ADN complet sur pied d'une combinaison unique de répétitions observées sur l'ensemble des loci.

L'exhaustivité ne peut, partant, être atteinte ce qui confère un degré d'incertitude aux résultats obtenus. Des correspondances fortuites peuvent, par conséquent, intervenir.

Pour pallier au risque d'erreur, différentes études ont été réalisées pour déterminer le caractère plus ou moins fréquent des combinaisons alléliques sur chacun des loci (allant de très fréquentes à très rares). La valeur probante d'une comparaison entre deux profils ADN sera d'autant plus forte que la correspondance concerne des fréquences alléliques rares.

Cela étant, ce degré de rareté et de fréquence dépend et varie en fonction de la population dont est issu la personne à l'origine du profil ADN. Un allèle peut avoir une fréquence rare sur un locus dans une certaine population et être commun dans une autre population géographiquement éloignée.

Il est donc essentiel d'analyser et de déterminer, pour la population cible, le degré de rareté ou de fréquence de ces répétitions alléliques sur ces loci pour procéder à des comparaisons adéquates entre les profils ADN selon la population dont ils sont issus.

¹⁰ R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 102.

¹¹ R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, pp. 75-77.

¹² R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 25.

¹³ Résolution du Conseil de l'Union européenne du 30 novembre 2009 relative à l'échange des résultats des analyses d'ADN, 2009/C, J.O.U.E., 5 décembre 2019, C.296.

¹⁴ B. RENARD, L. DUBOCCAGE, P. JEUNIAUX et V. VANVOOREN, *op. cit.*, p. 934.

¹⁵ Il s'agit d'une « zone de l'ADN présentant un polymorphisme et qui est utilisée pour l'identification individuelle », selon R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 452.

II. La table de fréquence et ses écueils

0211.

Les laboratoires agréés par le ministre de la Justice pour réaliser des analyses en matière pénale aboutissant à l'établissement de profils ADN utilisent une base de données commune sur la population locale belge pour les calculs statistiques inhérents à l'élaboration et la comparaison de ces profils.

Quatre études¹⁶ ont été réalisées pour déterminer la distribution génétique propre à la population belge. Sur base de ces études a été créée la table de fréquence allélique commune aux laboratoires.

Cette table de fréquence est l'outil phare permettant d'établir le degré de rareté d'une fréquence allélique influençant directement le degré de probabilité du résultat issu de l'analyse.

Ces études ont chacune pour objectif d'identifier les fréquences alléliques des loci prédéfinis sur pied d'un échantillon voué à être généralisé à la population belge entière. L'objectif est, partant, de diminuer le risque de correspondance fortuite, grâce à cette table de fréquence.

Ces dernières présentent, cependant, certains écueils tant par rapport au degré de représentativité de leur échantillon que de son éventuelle obsolescence.

Avant d'aborder ces écueils, un rappel des principes propres à l'échantillonnage est opéré.

a) La représentativité et la taille de l'échantillon en théorie

0311.

L'échantillon, voué à être généralisé doit être le plus représentatif possible de la « population mère » dont il est issu, au risque de fausser son analyse ultérieure. Idéalement, un échantillon devrait être parfaitement représentatif de la population mère qu'il est voué à généraliser.

Une telle similitude étant, *de facto*, impossible, l'échantillon comportera toujours une marge d'erreur qui doit être la plus restreinte possible¹⁷.

Diverses techniques d'échantillonnage existent. Les techniques probabilistes, où chaque unité de la population générale a la même chance qu'une autre d'être choisie au sein de

¹⁶ D. VAN HOOFT, D. DEFORCE, R. MILLECAMPS, V. BROCHEZ, E. VAN GELDRE, A. VERGAUWE, A. SIJ., E. VAN DEN EECKHOUT, « Population genetic study of four short tandem repeat loci in the Belgian population, using capillary electrophoresis », *Electrophoresis*, may 1998, pp. 42-52 ; R. DECORTE, M. ENGELEN, L. LARNO, K. NELISSEN, A. GILISSEN, J.-J. CASSIMAN, « Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR Profiler PCR amplification kit). », *Forensic Sci Int.*, 2004, pp. 211-213 ; R. DECORTE, E. VERHOEVEN, E. VANHOUTTE, K. KNAEPEN and J.-J. CASSIMAN, « Allele frequency data for 19 short tandem repeats (PowerPlex 16 and FFI) in a Belgian population sample », *J Forensic Sci.*, march 2006, Vol. 51, No. 2, pp. 436-437 et S. DOGNAUX, M.H.D. LARMUSEAU, L. JANSEN, T. HEYLEN, N. VANDERHEYDEN, B. BEKEAERT, F. NOEL and R. DECORTE, « Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci and D1S1677 in the Belgian population », *Forensic Sci. Int. Genetics*, 2012/6, pp. e75-e77.

¹⁷ F. DEPELTEAU, *La démarche d'une recherche en sciences humaines – de la question de départ à la communication des résultats*, Louvain-la-Neuve, de boeck, 2002, pp. 211-215.

l'échantillon, permettent de calculer la marge d'erreur de l'échantillon ce, au contraire des techniques non-probabilistes¹⁸.

La taille de l'échantillon a également son importance. Pour les échantillons probabilistes¹⁹, la taille de l'échantillon détermine sa représentativité. La marge d'erreur en est également tributaire : au plus le nombre d'unités choisies dans l'échantillon est grand, au plus la marge d'erreur est restreinte et inversement²⁰.

Une table d'estimation permet de déterminer, selon le degré de précision souhaité (allant de 1 à 5%) ainsi que le degré de confiance (95 ou 99 %), la taille de l'échantillon. Outre l'utilisation de cette table, F. DEPELTEAU recommande d'utiliser un échantillon représentant au moins 10 % de la taille de la population générale, avec un minimum de 30 unités²¹.

b) Quelques écueils de la taille de l'échantillon des études utilisées pour établir la table de fréquence

0322.

Concernant la mesure de la fréquence, celle-ci a d'autant plus de chances d'être proche de la fréquence réelle que l'échantillonnage est grand. Pour les allèles les plus fréquents, quelques centaines d'individus suffisent pour estimer la fréquence avec une bonne précision au contraire des allèles rares²².

La comparaison entre deux profils ADN se réalise sur pied des correspondances établies entre les répétitions de fréquences alléliques sur les loci analysés. Le degré de probabilité de certitude de la correspondance dépend de la rareté de l'allèle correspondant. Le risque statistique d'erreur d'échantillonnage est d'autant plus important que le nombre d'individus est petit : en dépend l'identification certaine de la rareté d'un allèle se répercutant, directement, sur l'appréciation de la correspondance entre deux profils ADN.

0333.

Se pose la question du caractère quantitatif suffisant pour apprécier adéquatement la rareté d'une fréquence allélique sur pied de la taille de l'échantillon.

En l'espèce, la fréquence des répétitions alléliques de chacun de ces loci a été examinée sur un échantillon d'au maximum 400 individus (deux études se fondent sur un échantillon d'environ 200 personnes²³ et deux autres environ 400²⁴).

D'après les données officielles de Statbel, la population belge compte 11 697 557 citoyens, soit près de 30.000 fois supérieures à la taille de l'échantillon utilisé pour établir la table de fréquence.

Selon le calcul des tables d'estimation, l'échantillon devrait être composé de 16.564 individus pour apprécier adéquatement le degré de rareté d'une fréquence allélique sur un

¹⁸ *Ibid.*, p. 215.

¹⁹ La taille des échantillons dits « exemplaires » n'est pas abordée, celle-ci étant variable et ne dépendant d'aucun critère précis. Nous renvoyons à l'ouvrage de F. DEPELTEAU à cet égard.

²⁰ F. DEPELTEAU, *op. cit.*, p. 231.

²¹ *Ibid.*

²² R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, pp. 311-317.

²³ Plus précisément 198 individus pour « Allele frequency data for 19 short tandem repeats (PowerPlex 16 and FFFI) in a Belgian population sample », 225 pour « Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR Profiler PCR amplification kit). ».

²⁴ Plus précisément 396 pour « Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci and D1S1677 in the Belgian population » et 395 pour « Population genetic study of four short tandem repeat loci in the Belgian population, using capillary electrophoresis ».

locus. Avec un tel échantillon, le degré de certitude serait de 99 % avec une marge d'erreur réduite à 1 %²⁵. La taille de cet échantillon tombe à 385 personnes lorsque le niveau de certitude est réduit à 95 % et que la marge d'erreur augmente à 5 %²⁶.

Partant, il semblerait que la taille du présent échantillon soit suffisante pour apprécier les allèles fréquents mais nullement pour déceler et apprécier leur degré de rareté. Or, ce sont pourtant bien ces enseignements qui en sont tirés pour réaliser et déterminer le degré de probabilité des résultats issus des analyses effectuées en matière pénale pour comparer des profils ADN.

c) Quelques écueils de la représentativité de l'échantillon des études utilisées pour établir la table de fréquence

0355.

Le critère de sélection de l'échantillonnage est crucial. Ces différentes études précisent toutes avoir analysé le profil de personnes non apparentées. Ce critère suffit-il à assurer une représentation adéquate de l'ensemble de la population belge ? Il est à en douter.

D'emblée, chacune des quatre études précise que seules des personnes « non-apparentées » composent leur échantillon mais aucune n'apporte de définition quant à l'éventuel degré de parenté qui serait prise en compte, il n'y a donc aucun consensus sur la portée de ce terme. Ensuite, ces études ne se « croisent » pas. Il pourrait donc y avoir des personnes apparentées ou même identiques composant ces différents échantillons.

Ensuite, ces études sont vouées à représenter l'ensemble de la population belge et devraient, partant, jouir d'un échantillon dont les caractéristiques sont les plus proches possibles de la population générale. Or, deux des études ont un échantillon qui est composé exclusivement de personnes issues de la Région flamande. De surcroît, l'une d'elles deux précise que son échantillon n'est composé que des personnes issues de population flamande caucasienne belge.

Se pose également la question de la méthode d'exploitation de l'ADN utilisée ainsi que l'éventuel impact sur ces résultats que pourrait avoir l'origine de l'échantillon, certains prélèvements sont salivaires alors que d'autres sont sanguins.

Enfin, l'objectif de ces études n'est pas clairement identifié. Seule l'étude de 2012 semblerait avoir procédé à un échantillonnage aux fins exclusives de l'établissement de la table de concordance commune. Les autres font état de prélèvements issus de recherches en paternité.

0366.

À la lumière de ce qui précède, il s'avère que l'échantillonnage fait fi de son critère de représentativité de la population belge.

²⁵ Ce calcul a été réalisé via le calculateur en ligne de taille d'échantillon sur CHECKMARKET, « Calculateur de taille d'échantillon », 2022, disponible sur <https://fr.checkmarket.com/calculateur-taille-echantillon/> (consulté le 14 novembre 2023).

²⁶ *Ibid.*

Guère représentatives, ces études ont été menées il y a plus d'une décennie, précisément en 1998²⁷, 2003²⁸, 2006²⁹ et 2012³⁰. L'obsolescence de leur échantillonnage se fait d'autant plus ressentir eu égard la démographie belge actuelle.

La moitié de ces études ne reprend que des personnes issues de la Région flamande. Or, la Belgique est un pays avec une grande diversité qui ne cesse de croître. Regroupant 11 697 557 citoyens, la population belge est composée de 65,5 % de Belges d'origine belge, 21,0 % de Belges d'origine étrangère et 13,4 % de non-Belges³¹.

Bien que deux tiers de la population belge soit d'origine belge, ce constat varie selon les Régions allant d'une personne sur quatre en Région de Bruxelles-Capitale à deux personnes sur trois au Région wallonne et trois personnes sur quatre en Région flamande.

Il en va de même concernant les Belges d'origine étrangère. Au niveau national, il s'agit d'une personne sur cinq. En Flandres ils sont 15,8 %, en Wallonie 24,4 % et en Région de Bruxelles-Capitales 39,7 %³².

Le caractère hétéroclite de la population belge se confirme d'autant plus en sachant 52,9 % des Belges d'origine étrangère et de non-Belges ont leur nationalité d'origine dans un pays hors de l'Union européenne³³. D'ailleurs, ces chiffres ont évolué au cours de la dernière décennie. La proportion de personnes appartenant au groupe de nationalité des pays voisins n'a cessé de diminuer. À l'inverse de celle relative aux origines hors Union Européenne qui croît.

0377.

Il ne fait guère de doute que les résultats issus de l'étude de ces échantillons diffèreraient de ceux issus de test portant sur l'ensemble de la population³⁴. Une actualisation de cet échantillonnage en s'assurant de son caractère effectif de représentation tout en prenant soin de s'assurer de sa taille adéquate semble indispensable à une bonne administration de la justice pénale.

III. Influence de la population choisie et ouverture sur l'exploitation de l'ADN en matière pénale

a) Enjeux de l'exploitation optimale des tables de fréquence

0411.

Comme développé *supra*, la fréquence d'un allèle varie en fonction de la population dont est issue la personne à l'origine de la trace.

²⁷ D. VAN HOOFFSTAT, D. DEFORCE, R. MILLECAMP, V. BROCHEZ, E. VAN GELDRE, A. VERGAUWE, A. SIJ., E. VAN DEN EECKHOUT, *op. cit.*

²⁸ R. DECORTE, M. ENGELEN, L. LARNO, K. NELISSEN, A. GILISSEN, J.-J. CASSIMAN, « Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR Profiler PCR amplification kit) », *op. cit.*

²⁹ R. DECORTE, E. VERHOEVEN, E. VANHOUTTE, K. KNAEPEN and J.-J. CASSIMAN, « Allele frequency data for 19 short tandem repeats (PowerPlex 16 and FFFI) in a Belgian population sample », *op. cit.*

³⁰ S. DOGNAUX, M.H.D. LARMUSEAU, L. JANSEN, T. HEYLEN, N. VANDERHEYDEN, B. BEKEAERT, *op. cit.*

³¹ STATBEL, « Diversité selon l'origine en Belgique », 8 juin 2023, disponible sur <https://statbel.fgov.be/> (consulté le 6 octobre 2023).

³² *Ibid.*

³³ *Ibid.*

³⁴ F. DEPELTEAU, *op. cit.*, p. 231.

La détermination du groupe ethnique du suspect est partant un élément indispensable pour une exploitation adéquate de l'ADN et surtout diminuer le risque de correspondance fortuite, soit le risque qu'un individu pris au hasard ait de façon fortuite des caractéristiques correspondantes³⁵. Un tel risque s'apprécie selon les chiffres relatifs à la fréquence des allèles.

Comme développé supra, ce risque serait nul si l'ensemble des séquences répétitives de l'ADN était étudié, ce qui n'est pas le cas. Pour y pallier, l'exploitation de l'ADN se fait de concert avec la table de fréquence propre à la population concernée. La population suspecte est-elle précisée aux laborantins ?

Il n'est guère à parier que le magistrat serait enclin à, d'emblée, communiquer le groupe ethnique auquel appartiendrait le suspect³⁶. D'une part, cela met à mal le droit à la vie privée et d'autre part, il ne faudrait pas tomber, par précipitation, dans une quelconque discrimination au détriment de l'enquête. D'aucuns, au contraire, estiment qu'il ne serait nullement question de dérives racistes mais bien de conditions d'efficacité du travail d'enquête³⁷.

Pour une utilisation optimale, il faudrait que les laboratoires aient à disposition des tables de fréquences actualisées et représentatives de chacune des populations ethniques ce qui n'est pas le cas actuellement.

Préjuger l'appartenance ethnique d'un suspect pourrait aussi fausser les résultats de l'enquête. Il faudrait pouvoir justifier objectivement la pertinence et la nécessité d'avoir privilégié un tel groupe ethnique à un autre. En cas d'erreur sur l'ethnie supposée, les résultats pourraient être influencés à tort.

0422.

La détermination de l'origine ethnique n'en demeure pas moins essentielle pour une analyse adéquate de l'ADN

À titre exemplatif, l'origine ethnique peut influencer la détermination du sexe humain. En effet, le sexe peut défini selon la différence de longueur entre le chromosome X et Y du gène de l'amélogénine. Un tel marqueur est inclus dans les kits commerciaux mais comporte une marge d'erreur : certains hommes sont diagnostiqués femmes car ils sont porteurs d'une délétion du chromosome Y qui inclut le locus de l'amélogénine.

Le taux d'erreur d'un test de prédiction basé uniquement sur les marqueurs d'ADN de l'amélogénine varie entre les régions géographiques de l'ascendance génétique de l'homme. Les délétions de l'amélogénine sont très peu fréquentes en Europe, par exemple en Autriche (0,02 %) mais peuvent atteindre une fréquence en Asie du Sud, par exemple en Inde avec 1,8 % et au Sri Lanka avec 8 %.

D'où l'importance d'être conscient de cette spécificité ethno-géographique pour, en cas de test sur la détermination du sexe, croiser les marqueurs de l'amélogénine avec d'autres marqueurs ADN sexospécifiques provenant d'autres gènes plus éloignés de l'amélogénine pour éviter le risque d'erreur³⁸.

0433.

³⁵ R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 311.

³⁶ B. RENARD, *Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale*, thèse de doctorat, Université catholique de Louvain, 2008, pp. 241-245.

³⁷ R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 182.

³⁸ M. KAYSER et P. SCHNEIDER, « DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: Motivations, scientific challenges, and ethical considerations », *Forensic Science International : Genetics*, 2009/3, p. 156.

Le raisonnement peut être poussé plus à l'extrême. Pour diminuer au maximum le risque de correspondance fortuite, la population suspecte devrait également reprendre des caractéristiques physiques. Si le suspect est de peau blanche et moustachu, la table de fréquence des personnes blanches moustachues devrait, partant, être utilisée³⁹.

Assurément, ce raisonnement est poussé à l'extrême mais illustre les investigations supplémentaires qui « pourraient » être mises en œuvre pour éviter qu'un innocent soit faussement accusé sur pied de son profil ADN.

Cela étant, les fréquences alléliques propres aux grands groupes géographiques de populations ont déjà été établies. Des sets seraient d'ailleurs d'ores et déjà sur le marché. Des analyses et études sont encore en cours pour affiner les fréquences alléliques propres aux différents groupes issus de la population blanche⁴⁰. La prochaine étape est leur utilisation.

b) Exploitation de l'ADN à des fins d'investigations ?

422.

Comme développé *supra*, il est possible de retirer des informations ethniques ou raciales sur l'individu à la source d'une trace ce, notamment selon les fréquences alléliques propres à certaines populations.

La population suspecte pourrait, partant, être déterminée selon les caractéristiques ethno-géographiques de la trace découverte et, ainsi, influencer le déroulement de l'enquête.

La population des personnes suspectes seraient déterminées. Le groupe de suspects seraient limités aux seuls individus répondant aux caractéristiques ethno-géographiques de la trace seraient ce qui influencerait considérablement l'enquête. Les laboratoires exploiteraient les données ADN selon la table de fréquence propre à cette population suspecte.

Le droit belge ne permet pas l'utilisation de l'ADN à des fins investigatrices. La pendante serait, outre le risque d'erreur, de baliser les informations exploitées de cette trace car, outre la provenance géographique, des caractéristiques physiques peuvent également être déterminées⁴¹.

³⁹ R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 315.

⁴⁰ R. COQUOZ, J. COMTE, D. HALL, T. HICKS, F. TARONI, *op. cit.*, p. 181.

⁴¹ M. KAYSER et P. SCHNEIDER, *op. cit.*, p. 156

IV. Bibliographie

COQUOZ R., COMTE J., HALL D., HICKS T., TARONI F., *Preuve par l'ADN. La génétique au service de la justice*, Lausanne, Presses polytechniques et universitaires romandes, 2013.

CHECKMARKET, « Calculateur de taille d'échantillon », 2022, disponible sur <https://fr.checkmarket.com/calculateur-taille-echantillon/> (consulté le 14 novembre 2023).

DECORTE R., VERHOEVEN E., VANHOUTTE E., KNAEPEN K. and CASSIMAN J.-J., « Allele frequency data for 19 short tandem repeats (PowerPlex 16 and FFFI) in a Belgian population sample », *J Forensic Sci.*, march 2006, Vol. 51, No. 2, pp. 436-437.

DECORTE R., ENGELEN M., LARNO L., NELISSEN K., GILISSEN A., CASSIMAN J.-J., « Belgian population data for 15 STR loci (AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR Profiler PCR amplification kit). », *Forensic Sci Int.*, 2004, pp. 211-213.

DEPELTEAU F., *La démarche d'une recherche en sciences humaines – de la question de départ à la communication des résultats*, Louvain-la-Neuve, De Boeck, 2000.

DOGNAUX S., LARMUSEAU M.H.D., JANSEN L., HEYLEN T., VANDERHEYDEN N., BEKEAERT B., NOEL F. and DECORTE R., « Allele frequencies for the new European Standard Set (ESS) loci and D1S1677 in the Belgian population », *Forensic Sci. Int. Genetics*, 2012/6, pp. e75-e77.

KAYSER M. et SCHNEIDER P., « DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: Motivations, scientific challenges, and ethical considerations », *Forensic Science International : Genetics*, 2009/3, pp. 154-161.

GRIMAUD M.-A., « Les enjeux de la recevabilité de la preuve par ADN dans le système pénal canadien », *R.D.U.S.*, vol. 24 no 1, 1994, pp. 293-302.

OOSTHUIZEN T. et HOWESL., « The development of forensic DNA analysis : New debates on the issue of fundamental human rights », *Forensic Science International : Genetics*, 2022/56, 102606.

Résolution du Conseil de l'Union européenne du 30 novembre 2009 relative à l'échange des résultats des analyses d'ADN, 2009/C, J.O.U.E., 5 décembre 2019, C.296.

RENARD B., DUBOCCAGE L., JEUNIAUX P. et VANVOOREN V., « Les banques nationales de données génétiques en Belgique. Un premier bilan de 10 ans d'activité », *Rev. dr. pén.*, 2013/11, pp. 927-961.

RENARD B., *Ce que l'ADN fait faire à la justice : sociologie des traductions dans l'identification par analyse génétique en justice pénale*, thèse de doctorat, Université catholique de Louvain, 2008.

STATBEL, « Diversité selon l'origine en Belgique », 8 juin 2023, disponible sur <https://statbel.fgov.be/> (consulté le 6 octobre 2023).

SOLETO MUNOZ H. et FIODOROVA A., « DNA and Law Enforcement in the European Union Tools and Human Rights Protection », *Utrecht Law Review*, vol. 10, janvier 2014, pp. 149-162.

VAN HOOFFSTAT D., DEFORCE D., MILLECAMP S., BROCHEZ V., VAN GELDRE E., VERGAUWE A., SIJS A., VAN DEN ECKHOUT E., « Population genetic study of four short tandem repeat loci in the Belgian population, using capillary electrophoresis », *Electrophoresis*, may 1998, pp. 42-52.

Rapport de synthèse des tâches sur l'analyse du droit applicable dans l'ordre juridique belge

I. INTRODUCTION

Les avancées scientifiques dans le domaine des technologies génétiques ont considérablement élargi les possibilités d'analyse dans le cadre des enquêtes judiciaires. Si ces outils offrent un potentiel considérable pour la manifestation de la vérité, leur utilisation soulève des interrogations juridiques persistantes quant à leur légalité. Cette situation place les acteurs de terrain face à un dilemme: doivent-ils renoncer à des outils potentiellement révélateurs de la vérité, ou les utiliser au risque de produire des éléments de preuve juridiquement contestables ?

Dans ce contexte, les travaux menés dans le cadre du WP4.2 visent à explorer les enjeux liés à l'usage des analyses génétiques en matière judiciaire. L'objectif est de clarifier les incertitudes juridiques, d'identifier les zones grises du droit, et de contribuer à une réflexion sur l'encadrement juridique de ces pratiques. La méthodologie adoptée pour ce faire repose sur une approche juridique classique, fondée sur l'analyse croisée des sources doctrinales, jurisprudentielles et normatives.

À l'instar du WP4.1, le choix méthodologique s'est porté sur la rédaction de notes de synthèse détaillées. Ce format permet de restituer avec précision les nuances interprétatives issues des sources étudiées, tout en constituant un outil structuré et mobilisable pour les étapes ultérieures du projet, notamment en vue de comparaisons internationales et de publications scientifiques.

L'ensemble des productions réalisées dans le cadre du WP4.2 sera présenté ci-après en distinguant, d'une part, les tâches initialement prévues et, d'autre part, les contributions complémentaires qui ont été ajoutées en cours de réalisation. Cette distinction permettra de rendre compte de la progression du travail, des ajustements opérés, ainsi que des choix posés. Cette présentation vise à offrir une lecture cohérente et transparente du travail accompli, tout en mettant en évidence la valeur ajoutée de chaque production dans la perspective globale du projet.

Le déroulement du WP4.2 a dû être réajusté à la suite de l'adoption de la loi du 7 mars 2024, entrée en vigueur le 1^{er} mars 2024, laquelle transforme en profondeur le cadre législatif encadrant l'usage des technologies ADN en matière pénale, ce qui sera développé *infra*.

II. TACHES REALISEES DE LA CONVENTION

(i) Délivrables repris dans la convention

Le WP.4.2 porte sur l'analyse des règles applicables dans le système juridique belge. Pour identifier les éventuels écueils de la législation actuelle, la convention prévoyait la réalisation de quatre ou cinq entretiens avec des acteurs clés. Ces entretiens devaient faire l'objet d'un rapport d'observation (livrable 4.2.2), lequel devait avoir pour vocation d'alimenter une note de synthèse sur les règles juridiques applicables en Belgique (livrable 4.2.1).

Cette note de synthèse (livrable 4.2.1) devait également intégrer les quatre questions ciblées par la convention, lesquelles présentent un intérêt particulier pour la pratique et n'avaient jusqu'ici été abordées que de manière marginale, voire jamais traitées dans la littérature.

La première porte sur la distinction entre ADN codant et non codant, introduite par la loi de 1999. Cette séparation, scientifiquement instable, soulève des incertitudes quant à son interprétation juridique et à son champ d'application réel. La deuxième question examine les possibilités d'extraction d'informations significatives à partir de l'ADN non codant, notamment des données ethnogéographiques pouvant orienter les enquêtes pénales. La troisième s'intéresse à l'établissement de liens familiaux via la comparaison de profils génétiques, une pratique déjà utilisée bien qu'en marge du cadre légal initial. Enfin, la quatrième question analyse les recoupements entre bases de données génétiques, y compris privées, comme celles issues de la généalogie récréative, soulevant des enjeux majeurs en matière de vie privée et de contrôle des données.

La convention prévoyait initialement seulement deux livrables pour le WP4.2. Au final, les chercheuses en ont réalisé seize, représentant un volume de 130 pages.

(ii) Rapport d'observation sur les entretiens menés (mars 2024) (9 pages) – tâche 4.2.2

Ce rapport présente les résultats de six entretiens menés avec des acteurs de terrains afin d'éclairer les pratiques liées à l'utilisation de l'ADN en matière pénale. Pour garantir une vision d'ensemble, les chercheuses ont veillé à interroger des profils complémentaires : trois scientifiques et trois membres du corps judiciaire. Il met en lumière les écarts entre la législation belge et les usages concrets notamment autour des quatre questions ciblées dans la convention toujours dans l'objectif de nourrir la réflexion sur l'adaptation du cadre juridique aux évolutions technologiques. Les entretiens ont été réalisés en novembre et décembre 2023, à un moment où la réforme n'était pas encore entrée en vigueur. Toutefois, la proposition de loi, déjà connue à cette période, a pu être abordée, enrichissant ainsi les échanges.

(iii) Rapport de synthèse sur le droit belge tâche 4.2.1

La convention prévoyait initialement la réalisation d'une note de synthèse consacrée à l'ordre juridique belge, alimentée par les conclusions des entretiens et par l'analyse des enjeux identifiés à travers les quatre questions ciblées.

Chaque question a fait l'objet d'une étude approfondie, donnant lieu à des notes détaillées (totalisant 37 pages, présentées ci-après). Le droit belge a par ailleurs été étudié en profondeur, notamment au travers d'une note retraçant l'historique des réformes successives depuis la loi phare de 1999. La réforme la plus récente, du 7 mars 2024, est entrée en vigueur en cours de projet, le 1^{er} mars 2024. Il a donc été nécessaire de l'intégrer, puisqu'elle modifiait substantiellement la matière, au cœur même de notre recherche. Cette réforme a fait l'objet d'analyses spécifiques : une note sur la proposition de loi, un avis adressé à la Ministre de la Justice, ainsi qu'un article publié au *Journal des Tribunaux*. Ces travaux démontrent que le droit belge a déjà été traité de manière exhaustive.

Dans ce contexte, il nous est apparu que la production d'une note de synthèse exclusivement consacrée à l'ordre juridique belge n'apporterait pas de valeur ajoutée significative, au regard des analyses détaillées déjà menées. En conséquence, nous avons privilégié la rédaction d'un rapport de synthèse du WP4.2, reprenant l'ensemble des prestations prévues par la convention, tout en intégrant les contributions supplémentaires effectuées. Ce rapport permet non seulement de justifier les choix stratégiques opérés au cours du projet, mais aussi d'exposer la manière dont nous avons dû nous adapter à l'entrée en vigueur de la loi du 7 mars 2024, élément déterminant dans la poursuite de cette recherche.

III. PRESTATIONS SUPPLEMENTAIRES

(i) Guide d'entretien (novembre 2023) (5 pages)

Afin d'assurer le bon déroulement des entretiens, les chercheuses ont élaboré un guide d'entretien structurant leur conduite. Ce support permet de baliser le bon déroulement des entretiens. Il introduit clairement le projet, précise les objectifs de chaque entretien et cadre les thématiques abordées, telles que les pratiques professionnelles, les évolutions législatives, ainsi que les enjeux techniques et éthiques liés à l'ADN. Il facilite la collecte d'informations pertinentes, garantit la cohérence des échanges et assure une uniformité méthodologique, contribuant ainsi à une exploitation optimale des données recueillies.

(ii) Retranscription des entretiens (mars 2024) (31 pages)

La retranscription des entretiens, répartie en 18 pages pour les acteurs judiciaires et 13 pages pour les scientifiques, permet de conserver ces échanges. Ce support facilite l'exploitation et l'analyse des discours tenus tout en veillant à la qualité de leur interprétation.

(iii) Notes sur les quatre questions particulières

Ces notes ont été écrites en octobre 2023 soit, avant l'entrée en vigueur de la loi du 7 mars 2024, elles se réfèrent donc au droit belge en vigueur à la date de leur rédaction.

a. La distinction entre séquences codantes et non codantes de l'ADN (octobre 2023) (12 pages)

Cette note expose, d'abord, la problématique traitée, à savoir : la distinction entre séquences codantes et non codantes de l'ADN dans le cadre de leur utilisation en matière pénale en Belgique. La première partie analyse l'origine de ce choix posé par le législateur qui repose sur une double logique : garantir la protection de la vie privée et privilégier des segments non codants jugés techniquement plus adaptés à l'identification. La deuxième partie met en évidence les fragilités de ce cadre, en soulignant l'absence de définition juridique précise et les incertitudes scientifiques persistantes, tout en décrivant les différents types de matériel génétique exploitable. La troisième section approfondit la remise en cause de cette distinction à la lumière des avancées scientifiques, notamment les travaux du projet ENCODE, et examine ses conséquences sur la cohérence du droit. Elle intègre également la position des acteurs de terrain. Enfin, la note ouvre une réflexion prospective en proposant des critères alternatifs pour encadrer l'utilisation de l'ADN, en abordant les enjeux du portrait-robot génétique et les garanties indispensables pour prévenir les dérives.

Cette note offre une compréhension globale du cadre légal tout en révélant les fragilités face aux évolutions technologiques. Elle met en évidence l'obsolescence de la distinction entre séquences codantes et non codantes et souligne les risques éthiques et pratiques que soulève l'utilisation des données génétiques.

b. L'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux en matière pénale en Belgique (octobre 2023) (9 pages)

La note de synthèse analyse l'exploitation de l'ADN pour établir des liens familiaux en matière pénale en Belgique, en soulignant l'importance croissante des expertises génétiques et le retard du cadre légal par rapport aux avancées scientifiques. Elle s'articule autour de quatre parties. Dans un premier temps, son introduction replace le sujet dans son contexte, en revenant sur la perception de la preuve ADN et en mettant en lumière les enjeux soulevés par les récents progrès scientifiques dans ce domaine. La deuxième partie s'attache ensuite à décrire les modalités techniques de l'exploitation de l'ADN dans le cadre de l'établissement de liens familiaux. Elle met en évidence le manque d'encadrement juridique en Belgique et pointe les limites de la législation existante — la loi du 7 mars 2024 n'étant pas encore entrée en vigueur au moment de la rédaction de la note. Elle aborde, ensuite, les écueils inhérents à cette technique relatifs à la fiabilité des analyses, les risques qu'elles comportent pour la vie privée ou encore les discriminations potentielles qu'elles peuvent engendrer. Elle se termine en évoquant garanties indispensables qui devraient accompagner son utilisation, comme le respect du principe de subsidiarité, la limitation des recherches, la définition de critères précis.

c. Table de fréquence allélique (octobre 2023) (9 pages)

La note s'articule en trois parties. Elle rappelle, d'abord, la création d'un profil ADN et la valeur probante de la preuve génétique. Elle énonce les principes de l'établissement d'un profil ADN, en détaillant les STR, les loci analysés et le rôle des probabilités dans la comparaison des profils, tout en soulignant le degré d'incertitude inhérent à ces analyses. La deuxième partie présente la table de fréquence allélique et ses écueils, en exposant les études belges qui ont permis de créer cette table, puis en analysant leurs limites : taille insuffisante des échantillons, manque de représentativité, absence de croisement des données et obsolescence des études face à l'évolution démographique. La troisième partie

ouvre la réflexion sur l'influence de la population choisie et les enjeux liés à l'exploitation des fréquences alléliques, en s'interrogeant sur la nécessité d'actualiser la table pour différentes origines ethno-géographiques, les risques de biais et les implications éthiques, notamment en matière de vie privée et de discrimination.

d. Le recoupement des profils génétiques obtenus avec d'autres bases de données (banque de données privées, généalogie récréative) (octobre 2023) (7 pages)

La note de synthèse s'organise en deux grandes parties. La première, consacrée au rappel de la législation belge, retrace l'évolution du cadre juridique encadrant l'utilisation de l'ADN en matière pénale, depuis la loi du 22 mars 1999 jusqu'aux réformes ultérieures. Elle explique la centralisation des banques de données par l'INCC, les conditions strictes de prélèvement et d'alimentation des bases officielles, ainsi que les mécanismes d'agrément des laboratoires pour garantir la fiabilité des analyses et la protection des droits fondamentaux. La seconde partie s'est penchée sur deux thématiques : d'une part, l'interdiction d'exploiter les banques de données récréatives ou privées, malgré leur potentiel pour résoudre des enquêtes, et le paradoxe entre cette interdiction et l'absence de sanction pour les tests ADN récréatifs ; d'autre part, les limites imposées au prélèvement de masse sous contrainte, avec une analyse critique des restrictions actuelles et la présentation d'une proposition de loi de 2021 visant à élargir ce mécanisme pour les infractions graves.

(iv) Cartes actorielles (octobre 2023)

Cinq cartes actorielles ont été élaborées pour illustrer les dynamiques législatives entourant les prélèvements ADN et les interactions entre les acteurs concernés. Quatre d'entre elles présentent les procédures selon qu'il s'agisse d'un ordre émanant du juge d'instruction ou du procureur du Roi, et selon la présence ou non d'indices de culpabilité. La cinquième carte est dédiée aux personnes disparues. Ces schémas clarifient le rôle des différents acteurs (magistrats, experts, policiers), les conditions de consentement, les modalités de prélèvement ainsi que la possibilité de contre-expertise. Ce support offre une visualisation structurée d'un cadre juridique complexe.

(v) Note sur l'ordre juridique belge (décembre 2024) (15 pages)

Cette note propose une analyse structurée du cadre juridique belge encadrant l'utilisation de l'ADN en matière pénale. Elle se divise en trois volets : (i) les origines et la loi fondatrice de 1999, (ii) les réformes clés introduites par la loi du 7 novembre 2011, et (iii) les textes législatifs spécifiques adoptés entre 2013 et 2017. Cette note présente un réel intérêt pour comprendre la construction progressive du cadre légal autour de cette technologie sensible. Il importe de préciser qu'elle ne reprend que les textes légaux adoptés.

(vi) Note sur le contenu de la loi ADN du 7 mars 2024 (avril 2024) (6 pages)

La présente recherche vise notamment à alimenter la réflexion du législateur sur une éventuelle réforme des règles juridiques encadrant l'utilisation de ces banques de données ADN en matière pénale. Or, un changement majeur des règles applicables en droit interne est intervenu suite à l'adoption de la loi du 7 mars 2024.

En complément de la note précédente sur le cadre juridique belge de l'ADN, les chercheuses ont anticipé la réforme imminente en analysant la proposition de loi du 7 mars 2024. Ce texte s'articule autour de six points clés de cette réforme : (i) suppression de la notion d'ADN non codant, (ii) autorisation du phénotypage, (iii) encadrement des recherches familiales, (iv) recours aux profils Y-STR et ADN mitochondrial, (v) élargissement des délais de conservation des échantillons, et (vi) extension des échanges internationaux. Cette note offre une première analyse de cette réforme ambitieuse qui transforme en profondeur l'usage de l'ADN dans les enquêtes pénales. Cette analyse aura pu être poussée davantage dans l'article scientifique publié au *Journal des Tribunaux*.

- (vii) Avis à l'attention du Ministre de la justice sur l'avant-projet de loi portant sur le recours aux technologies ADN en matière pénale (23 octobre 2023) (7 pages)

L'UCLouvain a contribué au processus législatif en participant à l'élaboration de l'avant-projet. Aux côtés du professeur Sonja Bitzer, l'équipe a remis au Ministre de la Justice un avis détaillé. Ce document met en lumière les implications importantes de la réforme sur les droits fondamentaux, notamment en matière de respect de la vie privée, et pointe certains écueils de cette réforme qui semblerait avoir été prise dans une certaine précipitation en faisant fi, notamment, d'une réflexion approfondie sur des considérations éthiques essentielles.

- (viii) Article scientifique sur la loi du 7 mars 2024 (25 pages, publié au *Journal des Tribunaux*)

L'équipe de l'UCLouvain a également rédigé un article en lien avec la nouvelle législation qui a été publié dans la revue *Journal des Tribunaux* (2025/5). Cette réforme élargit les possibilités d'expertise ADN, un domaine ayant considérablement évolué ces vingt dernières années. Sa thématique touche au cœur de ce projet de recherche, d'autant que les changements introduits par la loi correspondent aux quatre questions particulières développées dans le cadre du WP 4. L'article présente ces évolutions, explicite leur encadrement en droit belge et pose un avis critique sur ce nouveau dispositif juridique. Il met par ailleurs en lumière la précipitation dans laquelle le processus législatif a été mené, aboutissant à des imprécisions et à de nombreux renvois entre dispositions, impactant la qualité du texte. Surtout, il montre en quoi cette célérité du processus législatif s'est faite au détriment d'une réflexion approfondie sur les enjeux éthiques et juridiques, notamment quant au respect des droits fondamentaux. Il est à noter que bien que d'ampleur, cette réforme porte sur une matière qui est appelée à encore évoluer, que ce soit en raison des avancées scientifiques, des choix politiques ou, encore, des moyens à disposition des acteurs de la justice pénale. Le cadre qu'elle pose connaît donc encore des changements à moyen ou à long terme, notre projet de recherche s'inscrivant plus largement dans ces éventuelles évolutions futures.

Rapport d'observation sur les entretiens

I. Introduction

1.

Lors de la phase 4.2 du projet traitant de l'analyse juridique des règles applicables dans l'ordre juridique belge, il était question de procéder à des entretiens avec quatre ou cinq acteurs clés, jouissant d'une vision d'ensemble, pour nous permettre d'identifier, de manière précise et concrète, les pratiques actuelles, y compris au niveau procédural.

Le projet prévoit que ces entretiens aient lieu avec des acteurs de terrain (juges d'instruction, procureurs, officiers de police judiciaire, etc.), pour comprendre la manière dont ils interprètent et articulent les règles juridiques applicables pour justifier leur utilisation de la technologie de l'ADN - parfois d'une manière qui semblerait étrangère au texte de la loi du 22 mars 1999.

Outre ces acteurs judiciaires, nous avons également mené des entretiens avec des acteurs « scientifiques » qui travaillent au sein des laboratoires pour qu'ils nous partagent leur quotidien.

II. Description des entretiens

DOCUMENT CONFIDENTIEL
PRÉSERVATION DE L'ANONYMAT DES PERSONNES
INTERROGÉES

Note sur le choix des systèmes juridiques sélectionnés (résultats de l'approche transversale)

I. Introduction

1.

L'objectif de cette note est de justifier la sélection des ordres juridiques qui feront l'objet d'une étude plus approfondie au sein de la note de synthèse ultérieure.

Les scénarios conjunctureux qui serviront à orienter la réflexion du législateur sur une éventuelle réforme de l'utilisation de l'ADN en matière pénale, seront élaborés en s'inspirant des ordres juridiques sélectionnés.

A. Le choix des thématiques

2.

Eu égard à la finalité de cette étude comparative, il nous est paru opportun de présélectionner l'application, à l'étranger, de certaines thématiques phares voués à évoluer en droit belge.

L'actualité de la thématique est, assurément, un critère essentiel. Nous avons donc veillé à analyser les éventuels projets et/ou propositions de loi en suspens concernant l'ADN en matière pénale. Les actualités en la matière concernent :

- Une proposition de loi modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique qui a été déposée le 21 janvier 2021 par le CD&V¹ ;
- Un projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale qui a été déposé par le gouvernement le 18 octobre 2023² ;

3.

Mise à part la modernisation complète qu'a connu la loi ADN³ en 2011⁴, celle-ci n'a plus fait l'objet, dans l'intervalle, de réformes majeures⁵. Le projet de loi susmentionné semble procéder à une nouvelle modernisation de la loi ADN.

¹ Proposition de loi modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique, *Doc.*, Ch., 2020-2021, 1756/001.

² Projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *Doc.*, Ch., 2023-2024, 3620/001.

³ Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 20 mai 1999.

⁴ Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, *M. B.*, 30 novembre 2011.

⁵ Nous n'oublions pas la consécration de deux nouvelles banques de données ADN (loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de

Les principales mesures y concernées sont :

- La recherche familiale et l'établissement, l'enregistrement et la comparaison des profils Y-STR et des profils d'ADN mitochondrial ;
- L'établissement systématique de profils Y-STR des traces découvertes, des suspects et des condamnées dans le cadre des dossiers d'agression sexuelle ;
- Le phénotypage ADN (recensement des traits observables présélectionnés d'un individu sur base de l'ADN obtenu à partir de traces biologiques, de victimes décédées non identifiées et non-reconnaissables ou de parties de corps) ;
- La consécration d'une période de conservation plus longue pour l'échantillon de référence et les échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN ;
- La suppression de la distinction « codant vs. non-codant ».

Il nous est donc paru opportun d'analyser la manière dont les ordres juridiques étrangers régulent ces thématiques auxquelles viennent s'ajouter les prélèvements de masse, visés par la proposition de loi du 21 janvier 2021.

4.

Outre leur actualité, ces thématiques sont d'autant plus intéressantes face aux enjeux sociaux et politiques qu'elles soulèvent.

A titre illustratif, citons la distinction « codant vs. non-codant » consacrée par le législateur comme garantie de proportionnalité dans l'atteinte au droit fondamental de la vie privée qui a emporté l'adhésion politique à l'autorisation légale de l'identification par analyse génétique en Belgique⁶.

Force est de constater que cet équilibre est remis en cause à la lumière des nouvelles technologies qui, bien qu'intrusives, se frayent leur chemin et semblent rencontrer l'intérêt collectif de prévention des infractions.

Quelques commentaires sur ce projet de loi illustrent ces enjeux :

« Le projet de loi à l'examen contient effectivement plusieurs modifications substantielles, comme la recherche familiale, le phénotypage, l'allongement des délais de conservation, la comparaison avec des banques internationales privées de données ADN, etc. Il est dès lors primordial d'assurer un juste équilibre entre les pouvoirs. »⁷ ;

données ADN « Personnes disparues », *M. B.*, 30 janvier 2014 et la loi du 9 avril 2017 modifiant la loi du 21 décembre 2013 en ce qui concerne la création d'une banque de données ADN « Intervenants », *M. B.*, 4 mai 2017).

⁶ B. RENARD et I. GALLALA, « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », *Cahiers Droit, Sciences & Technologies*, juin 2016, pp. 7-8.

⁷ Projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, discussions générales, *Doc.*, Ch., 2023-2024, rapport des séances du 25 octobre 2023, 12 décembre 2023 et 16 janvier 2024, 3620/003, interpellations de Madame DE WIT (N-VA), p. 10.

« Il est inquiétant que, lors des auditions du mois de décembre 2023, aucun éclairage sous l'angle des droits humains n'ait été apporté par des praticiens du droit pour estimer si l'atteinte aux droits fondamentaux a été correctement mise en balance avec les objectifs poursuivis par le projet de loi à l'examen pour s'assurer du respect au droit fondamental de la vie privée. (...) »

L'avis de l'UCLouvain va dans le même sens. Dans sa conclusion, il déplore l'absence, dans l'exposé des motifs, de toute réflexion d'ordre éthique ou juridique, de nature à justifier l'atteinte aux droits humains et aux libertés fondamentales, notamment en ce qui concerne le droit à un procès équitable et le droit au respect de la vie privée et familiale »⁸ ;

« Il faut se poser la question de savoir si cette intrusion non négligeable dans la vie privée [par le phénotypage], par l'intermédiaire d'un test génétique, est bien légitime et proportionnée par rapport au bénéfice attendu en termes de résolutions supplémentaires d'affaires judiciaires. »⁹

Ces brefs passages illustrent, de manière non-exhaustive, la mise sous tension que génèrent ces thématiques et, partant, la pertinence de leur analyse.

Nombreuses d'entre elles avaient, d'ores et déjà, été pointées dans le descriptif du présent projet et fait l'objet d'une première recherche¹⁰.

B. Le choix des ordres juridiques

5.

Le sujet à analyser étant posé, vient, ensuite, la sélection des ordres juridiques pour lesquels seront étudiées, de manière transversale, les différentes codifications des thématiques visées *supra*.

6.

Pour obtenir un degré d'internationalisation suffisant tout en garantissant une certaine diversité, nous avons veillé à englober tant des ordres juridiques « proches » de droit belge que plus éloignés. Y sont recensés des ordres juridiques proches territorialement et issus de la « Civil Law » mais aussi des ordres juridiques issus de pays anglo-saxons sur le continent européen et outre-Atlantique.

Notre étude transversale s'est portée sur la Commonwealth de l'Australie, les Royaume-Unis, le Canada, l'Allemagne, la Suisse, les Etats-Unis, les Pays-Bas et la France.

⁸ *Ibid.*, interpellations de Madame ROHONYI (DéFI), p. 19.

⁹ *Ibid.*, interpellations de l'intervenante Madame Florence CAEYMAEX (représentante du comité consultatif de bioéthique de Belgique), p. 36.

¹⁰ Voir les quatre questions pointées dans la tâche 4.2 et, plus particulièrement, les notes rédigées sur ces thématiques, soit « La distinction entre les séquences codantes et non codantes de l'ADN dans le cadre de leur utilisation en matière pénale en Belgique », « L'exploitation de l'ADN aux fins d'établissement de liens familiaux en matière pénale en Belgique » et « L'association des marqueurs génétiques STR à certaines populations d'origine ethno géographique permet de déduire, avec une probabilité plus ou moins grandes, diverses caractéristiques des personnes concernées ».

7.

Un critère de sélection fut la régulation effective de la plupart de ces thématiques.

Les nouvelles technologies relatives à l'utilisation de l'ADN sont particulièrement intrusives. Leur utilisation remet en cause la proportionnalité jusqu'alors consacrée entre l'objectif poursuivi et les atteintes aux droits fondamentaux.

B.1 Australie

8.

En Australie, jouissent d'une base légale la collecte, l'analyse, le stockage et l'utilisation de l'ADN des suspects, des condamnés et des volontaires. D'aucuns regrettent le manque de prise en compte progrès récents en matière d'analyse médico-légale de l'ADN et du potentiel d'impacts négatifs sur les droits fondamentaux¹¹.

Aucun cadre législatif ne réglemente la recherche familiale (notamment via l'analyse Y-STR), le phénotypage de l'ADN, les recherches de généalogie génétique.

Ces nouvelles techniques impliquent l'utilisation de l'ADN « codant », ouvrant accès à des informations personnelles encore plus sensibles (relations familiales, l'ascendance biogéographique, apparence et même potentiellement des informations sur la santé).

Or en pratique, il est parfois fait recours à ces procédés qui mettent à mal l'équilibre entre les droits individuels et l'intérêt public dans recueillir des preuves d'infractions graves¹².

Nous ne nous satisfaisons pas de telles pratiques car notre analyse doit justement porter sur la manière dont l'équilibre entre ces intérêts est régulé.

B.2 Le Royaume-Uni

9.

Le Royaume-Uni a joué un rôle précurseur concernant les banques de données ADN. La banque de donnée nationale de l'Angleterre et du Pays de Galles, créée en 1995, est la première banque de donnée ADN médico-légale au monde¹³.

Cependant, ce système juridique présente un certain écueil : l'absence de lois régissant les techniques d'exploitation de l'ADN en matière pénale. La législation existante¹⁴ ne régit que la collecte, le traitement et le stockage de l'ADN à des fins médico-légales¹⁵.

¹¹ T. OOSTHUIZEN, L. HOWES and R. WHITE, « Forensic DNA analysis and legislative provisions: Balancing rights in a time of scientific advancement », *Alternative Law Journal*, Volume 48 (3), 2023, p. 183

¹² M. SMITH and M. MANN, « Recent developments in DNA evidence », *Trends & issues in crime and criminal justice*, 2015, no. 506.

¹³ Parliamentary Office of science and technology, « The national DNA Database », *Postnote*, 2006, n°258, pp. 1-4.

¹⁴ The Police and Criminal Evidence Act (PACE) 1984 et The Criminal Procedures and Investigation Act 1996.

¹⁵ G. SAMUEL et B. PRAINSACK, « The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe », *Visage*, 2018, p. 72.

Gouvernée par la *common law*, la jurisprudence revêt une importance particulière qui pourrait pallier l'insuffisance des textes légaux en question.

En dépit du vide législatif sur, notamment, l'exploitation de l'ADN codant/non-codant, les recherches familiales ou encore le phénotypage, il est, en pratique, fait recours à ces procédés.

A titre illustratif, citons le phénotypage qui ne peut pas être utilisé en justice comme mode de preuve, alors qu'il n'y a aucune interdiction légale. Son utilisation est strictement limitée aux fins d'investigation dans les affaires présentant un certain seuil de gravité¹⁶. Ce procédé a été employé dans l'affaire R c. Harman¹⁷.

En pratique, il est fait recours aux recherches familiales pour les infractions les plus graves ce, bien que cette méthode ne soit réglementée par aucune loi spécifique¹⁸. L'utilisation est balisée par l'agence gouvernementale responsable de la base de données ADN nationale¹⁹.

Enfin, concernant le prélèvement de masse bien que celui-ci ne jouisse également d'aucune base légale, il y est fréquemment fait recours en pratique. En Angleterre et au Pays de Galles, en 2006, près de 300 dépistages de masse avaient été effectués, impliquant plus de 80 000 échantillons d'ADN²⁰.

L'Écosse semble être la seule juridiction qui rende compte régulièrement des dépistages de masse. Elle procède en moyenne à un prélèvement de masse par an²¹.

L'Irlande du Nord est la seule à avoir légiféré sur ce point²². Ne sont permis de tels prélèvements de masse que s'ils sont susceptibles de faire avancer l'enquête tout en restant proportionnés aux objectifs poursuivis et conditionnés au consentement des personnes concernées.

La fréquence de l'utilisation du prélèvement de masse démontre l'utilité d'un tel procédé même s'il reste soumis à la discrétion des personnes concernées.

Une dernière particularité est la production annuelle d'un rapport sur la banque de données nationale ADN²³.

Partant, l'absence de régulation adéquate de ces domaines constitue un véritable obstacle qui prive le Royaume-Uni des bénéfices potentiels des nouvelles technologies, dont l'efficacité dans l'aide à la résolution des enquêtes judiciaires est indéniablement établie aujourd'hui.

¹⁶ G. SAMUEL and B. PRAINSACK, *op. cit.* p. 70.

¹⁷ M. SMITH and M. MANN, *op. cit.*

¹⁸ *Ibid.*

¹⁹ Forensic Information Databases Service (FINDS), « The Forensic Information Database Strategy Board Policy for Access and Use of DNA Samples, DNA Profiles, Fingerprint Images, and Associated Data », *Home office*, 20 décembre 2024, disponible sur https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1052529/FIND_Strategy_Board_Policy_Access_and_Use.pdf.

²⁰ J. KAYE, « Police collection and access to DNA samples », *Genomics, Society and Policy*, 2006, Vol. 2, No. 1, pp. 16 – 19.

²¹ Scottish Police Authority, « Scottish DNA Database Statistics 2022/2023 », disponible sur <https://www.spa.police.uk/spa-media/h5bhifqf/statistics-2022-2023.pdf>.

²² The Criminal Justice (Forensic Evidence and DNA Database System) Act 2014.

²³ Voy. not. Forensic Information Databases Service (FINDS), « Forensic Information Databases annual report 2021 to 2022 », *Home office*, mai 2023, disponible sur <https://www.gov.uk/government/publications/forensic-information-databases-annual-report-2021-to-2022/forensic-information-databases-annual-report-2021-to-2022-accessible-version>.

B.2 Canada

10.

Il n'existe aucune disposition légale au Canada qui réglemente, identifie ou limite les types d'analyses d'ADN pouvant être réalisées à des fins médico-légales²⁴.

Cependant, la loi sur l'identification par empreintes génétiques²⁵, qui a institué la Banque nationale de données génétiques du Canada en 2000, contient des dispositions détaillant les actions permises avec un profil génétique soumis à cette banque, ainsi que les informations qui peuvent être divulguées dans le cadre d'une enquête sur une infraction pénale²⁶.

Par exemple, le phénotypage n'est pas encadré spécifiquement dans la législation canadienne. Les forces de l'ordre font appel à des agences externes pour prédire les traits physiques depuis un échantillon ADN. Cela étant, ces méthodes ne présentent pas un degré de certitude suffisant pour être présentées comme preuve devant un Tribunal²⁷.

Les recherches familiales demeurent interdites dans le cadre d'investigation²⁸.

Il est fait grief au Canada de ne pas encore avoir légiféré sur les thématiques qui nous occupent dans le cadre de cette recherche.

B.3 Etats-Unis

11.

La confédération des Etats-Unis présente une réelle richesse en ce qu'elle regroupe, en son sein, de multiples législations et exemples jurisprudentiels, au niveau fédéral et au niveau de chaque Etat. Cette particularité représente également une réelle barrière par l'impossibilité de pouvoir procéder à une étude suffisamment complète des ordres juridiques étatiques.

Le législateur fédéral ne peut légiférer que dans les domaines spécifiquement autorisés par la Constitution américaine. Les autres domaines relèvent de la discrétion propre de chaque Etat.

Il n'y a pas d'uniformité concernant l'utilisation de l'ADN en matière pénale. A titre exemplatif, tant l'Etat fédéral que les Etats fédérés légifèrent le prélèvement d'échantillons ADN pour les

²⁴ A. BELLAMY-ROYDS et S. NORRIS, « New Frontiers in Forensic DNA Analysis: International Practices and Implications for Canada », *Library of Parliament*, 3 March 2009, PRB 08-29E, disponible sur <https://ceadstorage.blob.core.windows.net/cead-images/NewFrontiersinForensicDNAAnalysis.pdf>, p.16.

²⁵ DNA Identification Act, Statute of Canada 1998.

²⁶ H. Westermarck et al., *op. cit.*, p. 38.

²⁷ A. BELLAMY-ROYDS et S. NORRIS, *op. cit.*, p. 15.

²⁸ DNA Identification Act, Statute of Canada 1998, chapitre 37.

condamnés de certains crimes. Tous ne prévoient pas le prélèvement pour les personnes arrêtées pour certains crimes²⁹.

Il convient de déterminer la législation (fédérale et/ou étatique) qui s'applique à chaque banque de données car il existe des banques de données au niveau fédéral, étatique et local. Existente également les banques de données dites « récréatives ».

Une particularité qui nous semble pertinente à analyser est l'utilisation, par les forces de l'ordre, de banques de données dites « récréatives » à des fins d'investigation. Une telle utilisation, outre la jurisprudence, est également balisée par des dispositions légales pour assurer des garanties suffisantes³⁰. Se distingue particulièrement la loi adoptée, en 2021, par l'état du Maryland qui consacre de réelles garanties quant à l'utilisation par les forces de l'ordre des données génétiques enregistrées sur des banques de données récréatives à des fins d'investigation (dit « la *généalogie génétique médico-légale* »)³¹.

En dépit de ce manque de conformité, il n'en demeure pas moins que les Etats-Unis présentent un certain intérêt par cette diversité.

Un exemple supplémentaire réside dans le fait que la banque de données fédérale ne reprend pas les caractéristiques physiques, rendant ainsi impossible le phénotypage. Par contre, les réglementations varient au niveau étatique. Seuls trois états, l'Indiana, le Rhode Island et le Wyoming interdisent explicitement le phénotypage de l'ADN³². En revanche, le Texas autorise le phénotypage médico-légal afin de retrouver des suspects inconnus³³.

Bien qu'il n'y ait pas de législation au niveau fédéral sur l'utilisation du phénotypage, des recherches familiales ou encore l'enregistrement spécifique des profils Y-STR ou ADNmt, il n'en demeure pas moins que l'étude des certaines pratiques ciblées de certains Etats peut s'avérer intéressante pour notre alimenter notre réflexion.

B.4 Allemagne

12.

L'Allemagne a la particularité de codifier, depuis 2019, l'utilisation du phénotypage pour déterminer les seules caractéristiques énumérées de manière exhaustive (la couleur des yeux, des cheveux, de la peau ainsi que l'âge), dans la mesure où cela est nécessaire à l'établissement des faits³⁴.

²⁹ G. SAMUEL et B. PRAINSACK, *op. cit.*, p. 129.

³⁰ Voy. not. Montana, 602 (2021), Loi révisant généralement les exigences des mandats pour les résultats des recherches ADN, 67^{ème} législation et Utah, 227 (2021), Genetic information privacy act, session générale 2021.

³¹ Maryland, 681 (2021), Procédure pénale - Analyse, recherche, réglementation et surveillance de l'ADN généalogique et génétique médico-légale.

³² Voy. not. Code de procédure pénale du Rhode Island article § 12-1.5-10 ; de l'Indiana article §10-13-6-16 et du Wyoming article §7-19-404(c).

³³ B.-J. KOOPS et M. SCHELLEKENS, « Forensic DNA Phenotyping: Regulatory Issues », *The Columbia Science and Technology Law review*, 2008, pp. 172.

³⁴ Voy. Code de procédure pénale allemand, art. § 81 e.

Est interdit le recours au phénotypage évaluer des caractéristiques non visibles de l'extérieur, soit l'origine biogéographique, les caractéristiques héréditaires, les traits de caractère ou les maladies de la personne concernée³⁵.

Les recherches familiales jouissent également d'une disposition légale. Il ne peut y être recouru qu'uniquement dans le cadre d'un prélèvement de masse réalisé sur une population déterminée, soumis au consentement dans le dans le cadre d'un des individus concernés³⁶.

³⁵ Décision du 14 décembre 2000 de la Cour constitutionnelle fédérale allemande, 1741/99, cité par H. WESTERMARK et al., *op. cit.*, p. 55.

³⁶ Code de procédure pénale allemand, art. §81h et E. SUPLOT, Affiliation génétique, Perspectives et écueils d'une pratique 2021, p. 137.

B.5 Suisse

13.

La Suisse vient d'adopter une profonde réforme de sa loi fédérale sur l'utilisation de l'ADN, en vigueur depuis le 1^{er} septembre 2023³⁷. Ce pays a donc la particularité d'offrir l'aboutissement de débats parlementaires récents ainsi que les différents consensus obtenus.

Par cette réforme, l'utilisation du phénotypage est à présent exclusivement consacrée. Une attention particulière mérite d'être pointée sur les caractéristiques qui peuvent être révélées. Celles-ci sont énumérées de manière exhaustive, afin d'assurer une proportionnalité des intérêts en cause tout en prévoyant la possibilité de compléter cette liste ce, de manière à pouvoir suivre l'évolution des technologies sans devoir repasser par une réforme entière³⁸.

Bien que déjà pratiquées, les recherches familiales jouissent à présent d'une base légale³⁹. L'enregistrement des profils d'ADN du chromosome Y dans le système d'information suisse est également consacré.

L'étude de l'ordre juridique suisse présente donc une réelle richesse en ce projet même s'il peut lui être fait grief de ne manquer d'innover en termes de prélèvement de masse, dont la réalisation est soumise au consentement des personnes intéressées.

B.6 France

14.

La France présente également un réel intérêt. Bien qu'elle n'ait pas légiféré sur l'utilisation du phénotypage, un arrêt phare a été rendu en 2014⁴⁰. Le législateur français ne s'étant pas à proprement parler saisi des autres possibilités offertes par la science en matière d'exploitation de l'ADN dans les enquêtes pénales, la voie prétorienne a pris le relais par l'admission de la révélation des caractéristiques morphologiques apparentes dans le cadre de cette affaire.

Cette autorisation jurisprudentielle est intéressante pour les débats qu'elle a générés et les nombreux commentaires de doctrine qui ont pu lui succéder, étant précisé qu'à ce jour le législateur n'a pas sauté le pas de la légalisation de cette pratique.

L'étude de ce revirement est assurément des plus enrichissantes et servira à alimenter notre réflexion notamment dans la proportionnalité des intérêts en cause. Ceci d'autant que le droit belge prône cette même interdiction, qui est levée dans le projet de loi.

³⁷ Loi fédérale suisse du 20 juin 2003 sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues.

³⁸ Loi fédérale suisse du 20 juin 2003 sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues, art. 10.

³⁹ Loi fédérale suisse du 20 juin 2003 sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues, art. 2a.

⁴⁰ Crim., 25 juin 2014, n° 13-87.493

La France se démarque aussi par sa législation sur les recherches familiales et son interdiction de procéder à des identifications génétiques en dehors des situations qu'elle autorise de manière limitative et exhaustive. Les banques de données récréatives sont, partant, interdites en France.

B.7 Pays-Bas

15.

Réels pionniers en la matière, les Pays-Bas ont ouvert la voie en matière législative dans l'utilisation de l'ADN dès 1994 par leur loi sur l'utilisation forensique de l'ADN⁴¹. Nous ne pourrions passer outre le premier pays au monde à s'être doté d'une telle législation. Outre d'être pionnier en législation sur l'utilisation de l'ADN, il reste un réel précurseur en ce domaine.

Les Pays-Bas ont ouvert la voie en matière législative en autorisant l'utilisation du phénotypage depuis 2003⁴², en ce compris la détermination des caractéristiques morphologiques apparentes, celle de l'origine biogéographique. Les recherches familiales sont aussi codifiées depuis 2021⁴³.

Enfin, il est le seul pays étudié dont la législation permet de procéder au prélèvement de masse en passant outre le consentement des personnes concernées⁴⁴.

Eu égard à son rôle de réel leader en termes de codification de l'utilisation de l'ADN en matière pénale, nous ne pouvons pas passer outre son étude et ses enseignements.

B.8 Sélection effective des ordres juridiques

16.

Nous avons porté notre attention sur la législation effective des ordres juridiques étrangers quant à ces thématiques et plus particulièrement la mise en balance des intérêts privés avec ceux de la sécurité publique.

Sur pied de ce critère, différents ordres juridiques se sont démarqués. Réels précurseurs en la matière, les Pays-Bas se sont directement distingués. La France, bien qu'elle n'ait pas une législation globale, présente un réel intérêt par la combinaison de sa jurisprudence et de ses dispositions légales. La Suisse se démarque naturellement par l'adoption de sa réforme complète tout comme l'Allemagne.

Au contraire des pays anglosaxons, comme l'Australie et les Royaume-Unis, où malgré l'utilisation de certaines de ces technologies, un vide législatif persiste.

⁴¹ H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », E-avis ISDC 2020-02, Institut suisse de droit comparé, actualisé au 28 août 2020, p. 80, disponible à l'adresse <https://www.isdc.ch/media/1953/e-2020-02-20-016-use-of-dna.pdf>, p. 74.

⁴² Loi du 8 mai 2003 modifiant la réglementation de l'examen de l'ADN dans les affaires pénales dans le cadre de la détermination de caractéristiques personnelles observables de l'extérieur à partir du matériel cellulaire.

⁴³ H. WESTERMARK et al., *op. cit.*, p. 80.

⁴⁴ Article 151b du Code de procédure pénale néerlandais.

17.

Notre choix s'est finalement porté sur l'étude de la France, la Suisse et les Pays-Bas.

Ces ordres juridiques présentent la particularité d'offrir un accès aisé quant à la connaissance de la langue, de l'accès aux sources formelles et à la doctrine.

Écueils que présente l'Allemagne. Nous ne disposons d'aucune connaissance de la langue allemande, ce qui nous porte préjudice dans la manière de procéder aux recherches pertinentes (doctrinales que jurisprudentielles). Vient s'ajouter, en outre, le défaut d'accès aux articles quelques articles anglophones qui n'étaient pas libres d'accès et pour lesquels nous n'avions pas les abonnements suffisants.

Il n'en demeure pas moins que cette étude transversale nous a permis de cibler certaines pratiques spécifiques qui alimenteront nos scénarios tant lorsque le recours à ces technologies est admis que refusé.

BIBLIOGRAPHIE

Législation belge

Loi du 9 avril 2017 modifiant la loi du 21 décembre 2013 en ce qui concerne la création d'une banque de données ADN « Intervenants », M.B., 4 mai 2017.

Loi du 21 décembre 2013 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale en vue de créer une banque de données ADN « Personnes disparues », M.B., 30 janvier 2014.

Loi du 7 novembre 2011 modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, M.B., 30 novembre 2011.

Loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, M.B., 20 mai 1999.

Travaux parlementaires

Proposition de loi modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique, Doc., Ch. 2020-2021, 1756/001.

Projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, Doc., Ch. 2023-2024, 3620/001.

Rapport des séances des 25 octobre 2023, 12 décembre 2023 et 16 janvier 2024 concernant le projet de loi modifiant le Code d'instruction criminelle et la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale, discussions générales, Doc., Ch. 2023-2024, n°3620/003, p. 10.

Législation étrangère

The Police and Criminal Evidence Act (PACE) 1984.

The Criminal Procedures and Investigation Act 1996.

The Criminal Justice (Forensic Evidence and DNA Database System) Act 2014.

DNA Identification Act, Statute of Canada 1998.

Loi du 8 mai 2003 modifiant la réglementation de l'examen de l'ADN dans les affaires pénales dans le cadre de la détermination de caractéristiques personnelles observables de l'extérieur à partir du matériel cellulaire (pays bas).

Loi fédérale suisse du 20 juin 2003 sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues.

Montana, 602 (2021), Loi révisant généralement les exigences des mandats pour les résultats des recherches ADN, 67ème législation

Utah, 227 (2021), Genetic information privacy act, session générale 2021.

Maryland, 681 (2021), Procédure pénale - Analyse, recherche, réglementation et surveillance de l'ADN généalogique et génétique médico-légale.

Doctrine

BELLAMY-ROYDS A. et NORRIS S., « New Frontiers in Forensic DNA Analysis: International Practices and Implications for Canada », Library of Parliament, 3 mars 2009, PRB 08-29E, disponible sur <https://ceadstorage.blob.core.windows.net/cead-images/NewFrontiersinForensicDNAAnalysis.pdf>.

Forensic Information Databases Service (FINDS), « The Forensic Information Database Strategy Board Policy for Access and Use of DNA Samples, DNA Profiles, Fingerprint Images, and Associated Data », Home office, 20 décembre 2024, disponible sur https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1052529/FIND_Strategy_Board_Policy_Access_and_Use.pdf.

Forensic Information Databases Service (FINDS), « Forensic Information Databases annual report 2021 to 2022 », Home office, mai 2023, disponible sur <https://www.gov.uk/government/publications/forensic-information-databases-annual-report-2021-to-2022/forensic-information-databases-annual-report-2021-to-2022-accessible-version>.

KAYE J., « Police collection and access to DNA samples », Genomics, Society and Policy, 2006, Vol. 2, No.1, pp. 16 – 27.

KOOPS B.-J et SCHELLEKENS M., « Forensic DNA Phenotyping: Regulatory Issues », The Columbia Science and Technology Law review, 2008, pp. 158-202.

OOSTHUIZEN T., HOWES L. and WHITE R., « Forensic DNA analysis and legislative provisions: Balancing rights in a time of scientific advancement », Alternative Law Journal, Volume 48 (3), 2023, pp. 183.

RENARD B. et GALLALA I., « Le droit, traducteur des enjeux des dispositifs sociotechniques ? », Cahiers Droit, Sciences & Technologies, juin 2016, pp. 7-8.

SAMUEL G. et B. PRAINSACK, « The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe », VISAGE, 2018.

SCHNEIDER P., PRAINSACK B. et KAYSER M., « The Use of Forensic DNA Phenotyping in Predicting Appearance and Biogeographic Ancestry », Deutsches Ärzteblatt International Medicine, 2019, pp. 873-882.

SMITH M. and MANN M., « Recent developments in DNA evidence », Trends & issues in crime and criminal justice, 2015, no. 506.

Scottish Police Authority, « Scottish DNA Database Statistics 2022/2023 », disponible sur <https://www.spa.police.uk/spa-media/h5bhifqf/statistics-2022-2023.pdf>.

H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », E-avis ISDC 2020–02, Institut suisse de droit comparé, actualisé au 28 août 2020.

Autres

Parliamentary Office of science and technology, « The national DNA Database », Postnote, 2006, n°258, pp. 1-4

Note de droit comparé

Introduction

Après avoir réalisé une approche transversale sur différents ordres juridiques étrangers, nous avons pu identifier ceux qui nous paraissaient les plus intéressants dans le cadre de notre projet de recherche relatif à l'exploitation de l'ADN en matière pénale en Belgique et des banques de données y associées, à savoir la Suisse, la France et les Pays-Bas.¹.

Le sujet est d'une actualité brûlante dans l'ensemble des pays sélectionnés à la faveur de notre étude, lesquels disposent soit de dispositions législatives récentes sur une question particulière relative à cette problématique soit d'un encadrement normatif regroupant plusieurs d'entre elles.

Notre étude s'articulera autour de quatre grandes thématiques qui font l'actualité de la matière et sur lesquelles le législateur belge pourrait donc être amené à se prononcer à plus ou moins bref délai. Le phénotypage (I) et les recherches familiales (II) sont au cœur du projet de réforme précité, tout comme l'établissement, l'enregistrement et la comparaison des profils Y-STR et de l'ADNmt qui relèvent de la thématique des banques de données ADN (IV). Les prélèvements de masse (III), s'ils n'ont pas été appréhendés par la réforme législative en cours, ont en revanche fait l'objet d'une proposition de loi déposée le 21 janvier 2021 qui n'a, à ce jour, pas encore fait l'objet de débats à la Chambre.

L'ambition de la présente note est donc de mettre en lumière les différentes questions précitées qui entourent l'utilisation forensique de l'ADN afin de proposer, dans une prochaine contribution, des scénarios permettant de jeter les jalons d'une réforme du cadre normatif belge.

I. Le phénotypage

A. Les caractéristiques morphologiques apparentes

¹ Voir la note rédigée à ce propos intitulée « Rapport succinct : résultats de l'approche transversale ».

Parallèlement aux évolutions scientifiques en matière d'ADN, l'autorisation du recours au phénotypage dans le cadre des enquêtes pénales gagne du terrain dans différents ordres juridiques, que ce soit par l'avènement de dispositions législatives en précisant les contours ou par l'admission de règles prétoriennes.

En France, le cadre juridique entourant l'exploitation de l'ADN résulte des lois dites de bioéthique de 1994² et précisément la loi n° 94-653 du 29 juillet 1994³, relative au respect du corps humain, qui a inséré des articles 16-10 et 16-11 dans le Code civil français. L'article 16-10 du Code civil précise que l'examen des caractéristiques génétiques constitutionnelles d'une personne ne peut être entreprise qu'à des fins médicales ou de recherche scientifique. Cet examen suppose l'exploitation de l'ADN dit « codant »⁴, lequel permet de délivrer des informations personnelles (telles que les caractéristiques physiologiques ou morphologiques par exemple). L'article 16-11 du Code civil français prévoit quant à lui que l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques ne peut être recherchée que dans certains cas limitativement énumérés, et notamment dans le cadre de mesures d'enquête ou d'instruction diligentées lors d'une procédure judiciaire. Cette identification, consistant à comparer des empreintes génétiques prélevées sur une scène d'infraction avec des profils déjà enregistrés dans une banque de données ADN, ne peut en principe avoir lieu que sur les segments non codants de l'ADN⁵. L'art. R53-13 du code de procédure pénale français affirme d'ailleurs que le nombre et la nature des segments d'ADN non codants sur lesquels portent les analyses d'identification par empreintes génétiques sont définis par arrêté.

² C. BRICOT, « Les empreintes génétiques et les limites de l'expertise », *Médecine & Droit* 2023, p. 101, disponible à l'adresse

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1246739123000386?casa_token=BE5P7h4yNtYAAAAA:YZeK8SDnK7VAIM_sceoVDk1Fc5XJJIKskQefBumzAm1lPta3tIsvj61pzoaiwgMyxNmBMVtxF32a

³ Loi n°94-653 du 29 juillet 1994 relative au respect du corps humain, *JORF* n°175 du 30 juillet 1994, disponible à l'adresse

<https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000000549619#:~:text=%2D%20Chacun%20a%20droit%20au%20respect,objet%20d'un%20droit%20patrimonial.>

⁴ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *Droit pénal*, n°9, septembre 2018, p. 17, disponible à l'adresse https://www.lexis360intelligence.fr/revues/Droit_p%C3%A9nal/PNO_RPEN/document/PS_KPEN-558414_0KTO?doc_type=doctrine_revue&source=autocompletion.

⁵ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *op.cit.*, p. 17.

Malgré l'interdiction de principe d'utiliser des segments d'ADN codants⁶ dans le cadre des enquêtes pénales, la chambre criminelle de la Cour de cassation française a pu valider, en 2014, une procédure d'expertise visant à l'identification des caractères morphologiques apparents d'un suspect à partir des traces d'ADN relevées sur des victimes de viol⁷. La chambre criminelle s'est appuyée sur le fait que l'analyse de l'ADN n'avait pour finalité que de « révéler des caractères morphologiques apparents » d'une personne dans le seul but d'identification d'un suspect. Elle a en outre pu juger que les articles 16-10 et 16-11 du Code civil français, qui ont pour seul fondement le respect et la protection du corps humain, n'avaient pas vocation à s'appliquer en ce que le matériel biologique concerné s'était naturellement détaché du corps humain. Les sanctions de l'article 226-25 du Code pénal intervenant en cas de non-respect des articles précités du Code civil français n'avaient donc pas vocation à être mises en œuvre.

L'étude de l'ordre juridique français est intéressante pour les débats qui ont eu cours suite à l'arrêt de la chambre criminelle de la Cour de cassation intervenu au cours de l'année 2014. Cet arrêt ayant été rendu il y a presque dix ans, de nombreux commentaires de doctrine ont pu être rédigés sur la question du phénotypage – ou du « portrait-robot génétique » qui peut en résulter – et les garanties qui doivent l'entourer. D'autres instances ont par ailleurs pu se pencher sur la question, et notamment la commission nationale consultative des droits de l'homme qui a rendu un avis, le 16 mars 2017⁸. Elle y détaille de nombreuses propositions visant à un encadrement strict de cette technique, telles que la nécessité d'un cadre législatif, la compétence exclusive du juge d'instruction et la détermination précise des caractéristiques susceptibles d'être révélées. Elle met en garde, par ailleurs, sur l'extension de telles expertises à des anomalies génétiques au regard d'enjeux de droit au respect de la vie privée et familiale. Elle souligne enfin qu'il est impératif que les résultats de telles expertises soient utilisés pour les seuls besoins de l'enquête, à l'exclusion de toute autre utilisation, mettant notamment en garde contre la réalisation de catégorisations ethniques.

⁶ Avec les progrès de la science, la question du bienfondé de la distinction entre les segments codants et non codants de l'ADN se pose. Voy. en ce sens la note de synthèse rédigée « La distinction entre les séquences codantes et non codantes de l'ADN dans le cadre de leur utilisation en matière pénale en Belgique ».

⁷ Crim., 25 juin 2014, n° 13-87.493, disponible à l'adresse <https://www.legifrance.gouv.fr/juri/id/JURITEXT000029152345>.

⁸ Avis relatif à l'expertise génétique aux fins de détermination des traits morphologiques apparents, Commission nationale consultative des droits de l'homme (CNCDH), assemblée plénière du 17 mars 2016, *JORF* n°0084 du 9 avril 2016, disponible à l'adresse <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000032377272>.

La Suisse a récemment modifié en profondeur sa loi fédérale sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues, plus simplement appelée loi sur les profils d'ADN⁹, dont les dispositions révisées sont entrées en vigueur le 1^{er} septembre 2023. Elle y autorise le recours à la technique du phénotypage, qu'elle définit comme « *l'analyse de marqueurs ADN spécifiques permettant d'obtenir, à partir d'une trace, des informations sur les caractéristiques morphologiques apparentes du donneur de la trace* »¹⁰. Elle liste les caractéristiques morphologiques dont elle autorise la révélation au moyen de cette technique, à savoir la couleur des yeux, des cheveux et de la peau, l'origine biogéographique et l'âge. Elle interdit expressément l'analyse des caractéristiques liées à la personnalité, telles que le tempérament, le comportement ou l'intelligence, ou à l'état de santé¹¹. Surtout, elle précise que « *le Conseil fédéral peut définir des caractéristiques morphologiques apparentes supplémentaires en fonction des progrès techniques et à condition que la fiabilité pratique des nouvelles méthodes visant à déterminer ces caractéristiques soit établie* »¹². Le fait que la Suisse définisse tout à la fois une liste exhaustive de caractéristiques pouvant être révélées par le phénotypage tout en laissant la possibilité au Conseil fédéral de compléter cette liste à tout moment résulte d'une volonté d'équilibre entre les intérêts en présence. Les débats qui ont précédé l'adoption de la réglementation révisée avaient en effet mis en lumière deux tendances principales sur cette question du phénotypage. Certains étaient opposés à l'avènement d'une liste exhaustive de critères morphologiques pouvant être révélés alors que d'autres estimaient que ces critères devaient être limitativement énumérés au vu des atteintes aux droits fondamentaux. La Suisse a finalement adopté une position intermédiaire, en permettant une certaine flexibilité tout en établissant une délimitation légale¹³.

B. Les caractéristiques biogéographiques et l'âge

⁹ Loi fédérale suisse du 20 juin 2003 sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues, disponible à l'adresse <https://www.fedlex.admin.ch/filestore/fedlex.data.admin.ch/eli/cc/2004/811/20230901/fr/pdf-a/fedlex-data-admin-ch-eli-cc-2004-811-20230901-fr-pdf-a-3.pdf>. Cette loi sera ci-après désignée « loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2023 ».

¹⁰ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2b.

¹¹ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2b.

¹² Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2b.

¹³ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, p.31, disponible à l'adresse <https://www.fedlex.admin.ch/filestore/fedlex.data.admin.ch/eli/fga/2021/44/fr/pdf-a/fedlex-data-admin-ch-eli-fga-2021-44-fr-pdf-a-1.pdf>.

Certains pays, peu nombreux, permettent l'utilisation du phénotypage aux fins de détermination de l'origine géographique du profil de la trace ADN et de son âge. Si la détermination de l'âge du donneur ne suscite aucun débat quant à des atteintes éventuelles à des droits fondamentaux, on peut se poser toutefois la question de la fiabilité de telles prévisions. Certains auteurs relèvent en effet que l'analyse des marqueurs relatifs à la taille, à la corpulence et à l'âge ne permettent pas de prédire ces caractères avec un degré de probabilité satisfaisant, à la différence de ceux relatifs à la couleur des yeux et des cheveux, offrant des résultats satisfaisants¹⁴. Concernant les techniques visant à déterminer l'origine biogéographique d'un profil ADN issu d'une trace en revanche, il s'agit d'une question particulièrement sensible en ce qu'elle pourrait aboutir à des discriminations.

Les Pays-Bas ont ouvert la voie en matière législative en autorisant l'utilisation du phénotypage dès 2003¹⁵. La législation néerlandaise prévoit que « *l'enquête ADN ne peut être destinée qu'à la constatation du sexe, de la race, ou d'autres caractéristiques déterminées par un règlement* »^{16,17}. Par ces dispositions, les Pays-Bas limitent l'utilisation du phénotypage aux prévisions relatives à l'ascendance biogéographique (appelée "race" aux Pays-Bas), au sexe et à des caractéristiques morphologiques apparentes¹⁸ (la couleur des yeux, des cheveux et de la peau)¹⁹. Comme bien souvent en matière d'exploitation de l'ADN en matière pénale, c'est une affaire judiciaire particulière qui a amené le législateur néerlandais à autoriser le recours à cette nouvelle technique que constitue la détermination de l'origine biogéographique d'un profil de trace. Le contexte concernait le viol et le meurtre de Marianne Vaastra, une jeune fille de 16 ans, au cours de l'année 1999²⁰. Dès après le crime, les habitants d'un foyer de demandeurs d'asiles situé à proximité furent soupçonnés mais finalement mis hors de cause à la suite d'une

¹⁴ C. RICCARDI et L. RICHEFEU, « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2, p. 335, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-de-science-criminelle-et-de-droit-penal-compare-2018-2-page-331.htm>.

¹⁵ Loi néerlandaise du 8 mai 2003 modifiant la réglementation de l'examen de l'ADN dans les affaires pénales dans le cadre de la détermination de caractéristiques personnelles observables de l'extérieur à partir du matériel cellulaire, disponible à l'adresse <https://zoek.officielebekendmakingen.nl/stb-2003-201.html>.

¹⁶ D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *op.cit.*, p. 20.

¹⁷ Article 151d du Code de procédure pénale néerlandais.

¹⁸ G. SAMUEL et B. PRAINSACK, « The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe », *VISAGE*, 2018, p. 60.

¹⁹ Décret néerlandais sur les tests ADN dans les affaires pénales, article 1b, disponible à l'adresse <https://wetten.overheid.nl/BWBR0012791/2020-11-01>.

²⁰ T. PLÜMECKE, et K. SCHRAMM, « Couplages permanents. Natures Cultures des racialisations actuelles » *in* *Un/doing Race, Racialisation en Suisse*, sous la direction de J. DOS SANTOS PINTO et al., Editions Seismo, 2022, p. 190.

comparaison génétique avec le profil ADN de trace retrouvé sur les lieux des faits²¹. Cela avait toutefois généré des tensions dans l'opinion publique nourries par des discours empreints de racisme et conduit le législateur à initier une modification de la loi. L'affaire fut finalement résolue en 2012, un paysan résidant à proximité du lieu du crime ayant été identifié comme étant l'auteur des faits suite à un prélèvement ADN de masse²². Dans l'intervalle, la loi du 8 mai 2003 autorisant la révélation de l'ascendance biogéographique était entrée en vigueur.

La Suisse, suite à la modification de sa législation sur l'utilisation de l'ADN dans le cadre des enquêtes pénales, autorise le phénotypage aux fins de mise en évidence de l'origine biogéographique du donneur de la trace²³. La Suisse permet également la détermination de l'âge dudit donneur²⁴. Les débats ayant entouré la réforme de la législation suisse en matière d'ADN se sont naturellement orientés sur l'analyse concrète des risques discriminatoires liés à l'autorisation de la révélation de l'ascendance biogéographique. Il a toutefois été conclu que l'analyse de l'origine biogéographique d'un donneur de trace résulte d'un procédé scientifique et qu'elle est par conséquent neutre. Le rapport ajoute « *Elle [l'analyse biogéographique] ne préjuge d'aucun résultat : les autorités d'enquête ne savent pas, au moment où elles mettent en sûreté une trace pour faire ensuite phénotyper des caractéristiques morphologiques, à quelle population appartient le donneur de la trace. Elles ne peuvent donc effectuer une présélection au préjudice d'une population déterminée* »²⁵. Ce faisant, il a été conclu que l'analyse de l'origine biogéographique ou de la couleur de peau n'était pas du profilage racial. Il est toutefois admis que des répercussions disproportionnées pour les minorités puissent intervenir dans le cadre des analyses visant à déterminer l'origine biogéographique : « *en raison du résultat d'une analyse, certaines minorités sont davantage soumises à des tests généralisés, car cela est plus facile à réaliser étant donné le plus faible nombre de personnes à tester* »²⁶. Il est intéressant

²¹ T. PLÜMECKE, et K. SCHRAMM, « Couplages permanents. Natures Cultures des racialisations actuelles » in *Un/doing Race, Racialisation en Suisse*, sous la direction de J. DOS SANTOS PINTO et al., Editions Seismo, 2022, p. 190.

²² T. PLÜMECKE, et K. SCHRAMM, « Couplages permanents. Natures Cultures des racialisations actuelles » in *Un/doing Race, Racialisation en Suisse*, sous la direction de J. DOS SANTOS PINTO et al., Editions Seismo, 2022, p. 190.

²³ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2b.

²⁴ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2b.

²⁵ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, p.32, disponible à l'adresse <https://www.fedlex.admin.ch/filestore/fedlex.data.admin.ch/eli/fga/2021/44/fr/pdf-a/fedlex-data-admin-ch-eli-fga-2021-44-fr-pdf-a-1.pdf>.

²⁶ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, p.32, disponible à l'adresse <https://www.fedlex.admin.ch/filestore/fedlex.data.admin.ch/eli/fga/2021/44/fr/pdf-a/fedlex-data-admin-ch-eli-fga-2021-44-fr-pdf-a-1.pdf>.

de relever toutefois que lors des débats ayant précédé l'avènement de la loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, les avis des groupes politiques convergeaient vers une nécessité de protéger les droits de la personnalité et des craintes quant à l'enregistrement de données relatives à l'origine ethnique des personnes avaient pu être soulevées en raison de la stigmatisation publique de communautés qu'elles pouvaient engendrer²⁷. Comme aux Pays-Bas, les raisons qui ont déterminé la Suisse à autoriser récemment la révélation de l'origine biogéographique d'un donneur de trace sont à rechercher dans une affaire judiciaire de coups et blessures ainsi que de viols à l'encontre d'une jeune femme à Emmen au mois de juillet 2015. La victime avait en effet décrit l'auteur comme étant de nationalité étrangère, en raison de ses caractéristiques physiques et de ses difficultés à s'exprimer en allemand. Certains ont pu voir dans l'avènement de cette loi une récupération politique de l'affaire afin de permettre des pratiques d'analyses ADN élargies en réalité fondée sur une idéologie raciste²⁸.

Sans conclure à des liens entre l'admission de la détermination de l'origine biogéographique et une idéologie raciste ou xénophobe, il reste que cette pratique interroge quant aux risques qu'elle crée en matière de discrimination.

C. L'exclusion des caractéristiques relatives à l'état de santé et à la personnalité

Il existe une interdiction de principe ou, à tout le moins, une absence d'autorisation au sein des différents pays étudiés quant à l'utilisation du phénotypage aux fins de révélation des caractéristiques relatives à l'état de santé ou à la personnalité de l'auteur de la trace ou du profil ADN.

La loi néerlandaise limite en effet le phénotypage à certains critères au titre desquels on ne retrouve pas les caractéristiques liées à l'état de santé ou à la personnalité de l'auteur.

fga-2021-44-fr-pdf-a-1.pdf.

²⁷ T. PLÜMECKE, et K. SCHRAMM, « Couplages permanents. Natures Cultures des racialisations actuelles » *in* Un/doing Race, Racialisation en Suisse, sous la direction de J. DOS SANTOS PINTO et al., Editions Seismo, 2022, p. 188.

²⁸ T. PLÜMECKE, et K. SCHRAMM, « Couplages permanents. Natures Cultures des racialisations actuelles » *in* Un/doing Race, Racialisation en Suisse, sous la direction de J. DOS SANTOS PINTO et al., Editions Seismo, 2022, p. 189.

La Suisse interdit expressément la révélation de ces informations dans sa législation en prohibant « l'analyse des caractéristiques liées à la personnalité, telles que le tempérament, le comportement ou l'intelligence, ou à l'état de santé »²⁹. Une consultation relative à l'avant-projet de modification de la loi sur les profils d'ADN, ayant donné lieu à l'entrée en vigueur d'une législation complètement révisée en 2023, a été diligentée par le Conseil fédéral³⁰. Certains participants à cette consultation avaient plaidé en faveur, au moins exceptionnellement, de la révélation d'informations sur l'état de santé ou sur une éventuelle maladie du donneur de la trace, arguant que cela permettrait de restreindre de façon décisive le cercle des auteurs possibles de l'infraction³¹. C'est un pas que le législateur suisse n'a toutefois pas souhaité franchir, le Conseil fédéral ayant opposé les risques d'atteinte disproportionnés qui pourraient résulter de la révélation, lors d'une analyse ADN, de caractéristiques liées à la personnalité, au tempérament, au comportement, à l'intelligence ou à la santé³².

La **législation allemande** interdit expressément la détermination de caractéristiques autres que celles strictement autorisées en ses termes. Elle interdit donc l'évaluation de caractéristiques non visibles de l'extérieur, soit l'origine biogéographique, les caractéristiques héréditaires, les traits de caractère ou les maladies de la personne concernée³³.

En France, le phénotypage n'est en principe pas autorisé quelles que soient les caractéristiques qu'il permettrait de mettre au jour, la chambre criminelle de la Cour de cassation française ayant pu toutefois valider l'identification des caractères morphologiques apparents dans le cadre d'une affaire particulière le 25 juin 2014. Dans le cadre de l'avis qu'elle a rendu, le 16 mars 2017, concernant cette affaire, la Commission nationale consultative des droits de l'homme a pu clairement identifier les risques liés à la révélation d'anomalies génétiques au cours d'une

²⁹ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2b.

³⁰ La documentation relative à la consultation et les avis déposés est disponible à l'adresse www.admin.ch/ch/f/gg/pc/ind2019.html#DFJP.

³¹ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, p.46, disponible à l'adresse <https://www.fedlex.admin.ch/filestore/fedlex.data.admin.ch/eli/fga/2021/44/fr/pdf-a/fedlex-data-admin-ch-eli-fga-2021-44-fr-pdf-a-1.pdf>.

³² Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, pp.46-47, disponible à l'adresse <https://www.fedlex.admin.ch/filestore/fedlex.data.admin.ch/eli/fga/2021/44/fr/pdf-a/fedlex-data-admin-ch-eli-fga-2021-44-fr-pdf-a-1.pdf>.

³³ Décision du 14 décembre 2000 de la Cour constitutionnelle fédérale allemande, 1741/99 cité par H. Westermarck et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », E-avis ISDC 2020-02, Institut suisse de droit comparé, actualisé au 28 août 2020, p. 55, disponible à l'adresse <https://www.isdc.ch/media/1953/e-2020-02-20-016-use-of-dna.pdf>.

analyse ADN et donc plus largement aux informations liées à l'état de santé³⁴. Elle y voit un risque d'atteinte au droit au respect de la vie privée et familiale en mettant en garde sur l'exploitation détournée qui pourrait être faite de telles données. Elle pointe notamment les dangers de mise en relation d'une caractéristique génétique donnée avec un comportement criminel³⁵.

II. Les recherches familiales

Le champ d'application des « recherches familiales » diverge d'un pays à l'autre, la notion étant tantôt entendue de façon restrictive ou bénéficiant au contraire d'une approche extensive. Les modalités de mise en œuvre pratiques de cette technique, si elles tendent à différer, sont toutefois généralement limitées à la poursuite d'infractions graves.

A. Les divergences liées à la notion de « recherches familiales »

En France, les recherches familiales sont expressément prévues par la loi à l'article 706-56-1-1 du Code de procédure pénale français. Elles consistent en la comparaison entre une empreinte génétique d'une trace biologique d'une personne inconnue et les empreintes génétiques des personnes fichées dans la banque de données ADN française, le FNAEG³⁶. La particularité tient au fait que le législateur a imposé que ces recherches aient un champ d'application resserré puisqu'il les limite à la « *recherche de personnes pouvant être apparentées en ligne directe* » à la personne inconnue, excluant ainsi les fratries et cousins³⁷. On y utilise d'ailleurs les expressions de « recherche en parentèle » ou « rapprochements en parentalité »³⁸ plutôt que celle de « recherches familiales ». Elsa SUPLOT souligne toutefois l'absence de clarté du texte de loi français lequel semble faire référence, par l'utilisation de l'expression « ligne directe »,

³⁴ Avis relatif à l'expertise génétique aux fins de détermination des traits morphologiques apparents, Commission nationale consultative des droits de l'homme (CNCDH), assemblée plénière du 17 mars 2016, *JORF* n°0084 du 9 avril 2016, disponible à l'adresse <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000032377272>.

³⁵ Avis relatif à l'expertise génétique aux fins de détermination des traits morphologiques apparents, Commission nationale consultative des droits de l'homme (CNCDH), assemblée plénière du 17 mars 2016, *JORF* n°0084 du 9 avril 2016, p. 104, disponible à l'adresse <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000032377272>.

³⁶ Fichier National Automatisé des Empreintes Génétiques.

³⁷ O. GUEYE, F. PELLEGRINI, « *Vers une remise en cause de la légalité du FNAEG ?* », *Convergences du Droit et du Numérique*, Forum Montesquieu, Université de Bordeaux, Septembre 2017, disponible à l'adresse <https://hal.science/hal-01630870v3>.

³⁸ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1, p. 39.

à l'enchaînement des générations, alors que telle n'était pas, selon elle, l'intention du législateur³⁹ qui entend désigner les père, mère et enfants.

En Suisse, la loi antérieure à la réforme entrée en vigueur en 2023, sans prévoir expressément la recherche en parentèle, autorisait toutefois d'y recourir⁴⁰. De telles recherches pouvaient avoir lieu afin d'établir un lien de parenté en ligne directe avec le donneur de la trace. La ligne directe y était entendue comme les liens avec le père ou la mère ou les enfants ainsi que les frères et sœurs⁴¹. La nouvelle législation suisse prévoit désormais expressément la recherche en parentèle et allonge les délais de conservation du matériel biologique prélevé sur une personne pour faciliter de telles recherches. Enfin, le profil d'ADN-Y d'une personne ou d'une trace pourra être enregistré dans le système d'information sur décision spéciale⁴². La nouvelle législation se contente toutefois de préciser qu'« afin d'élucider un crime, une recherche en parentèle est lancée dans le système d'information »⁴³ fondé sur les profils d'ADN, sans préciser l'étendue d'une telle recherche. Dans le cadre de la consultation relative à l'avant-projet de modification de la loi sur les profils d'ADN, diligentée par le Conseil fédéral⁴⁴, la définition de paramètres de recherche restrictifs avait été demandée, portant notamment sur le type de ligne de parenté (ligne directe ou ligne collatérale) ou sur le degré de parenté (premier, deuxième, troisième degré de parenté etc.) pouvant être analysés. Le Conseil fédéral a décidé de tenir compte à la fois des requêtes mettant en lumière la nécessité de définir des paramètres pour ces recherches en parentèle et une volonté de souplesse pour tenir compte des progrès de la science forensique⁴⁵. La loi révisée prévoit ainsi que « le Conseil fédéral édictera des dispositions d'exécution réglant notamment (...) la recherche en parentèle »⁴⁶, en particulier sur les paramètres de telles recherches.

³⁹ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *op.cit.*, p. 42.

⁴⁰ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, *op.cit.*, p.15.

⁴¹ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, *op.cit.*, p.16.

⁴² Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, *op.cit.*, p.22.

⁴³ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 2a.

⁴⁴ La documentation relative à la consultation et les avis déposés est disponible à l'adresse www.admin.ch/ch/f/gg/pc/ind2019.html#DFJP.

⁴⁵ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, *op.cit.*, p.35.

⁴⁶ Loi fédérale suisse sur les profils d'ADN du 20 juin 2003, article 22.

B. La mise en œuvre des « recherches familiales »

La mise en œuvre des recherches familiales peut être entendue d'une part comme la comparaison d'une trace avec les profils ADN enregistrés dans une banque de données ou, d'autre part, comme l'utilisation de cette technique à l'échelle d'une affaire, sans comparaison avec un quelconque système d'information. Les différents ordres juridiques prévoyant de telles recherches se rejoignent toutefois dans la volonté de limiter l'utilisation de cette technique à des infractions graves.

1) *Une comparaison à l'échelle d'une affaire ou avec une banque de données*

La réalisation de recherches familiales fait en général référence à la technique consistant à comparer une trace ADN issue d'une scène d'infraction avec une banque de données ADN afin de d'établir d'éventuels liens entre une personne déjà fichée dans un système d'information et la trace découverte. La **France**, la **Suisse** et les **Pays-Bas** font expressément référence, dans leurs législations respectives, à cette comparaison entre une trace découverte et leurs banques de données nationales. Cela n'exclue pas que des comparaisons puissent être réalisées à l'échelle d'une affaire, en comparant la trace découverte à un panel beaucoup plus restreint de profils ADN, suite notamment à un prélèvement de masse à l'échelle d'une ville ou d'une région dans laquelle a eu lieu l'infraction par exemple. L'**Allemagne** prévoit pour sa part la possibilité de réaliser des recherches familiales uniquement de manière complémentaire à un prélèvement de masse réalisé sur une population déterminée au regard des besoins de l'enquête^{47,48}.

2) *La limitation des recherches familiales à la poursuite d'infractions graves*

Aux Pays-Bas, les recherches familiales ou de parenté sont prévues par la loi néerlandaise depuis 2012⁴⁹ et une distinction y est opérée entre la recherche « passive » et la recherche « active ». La première fait référence à une concordance partielle indiquant un possible lien de parenté mise à jour de façon fortuite suite à une comparaison d'un profil standard dans le

⁴⁷ E. SUPIOT, « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d'une pratique », *Droits*, 2021/1, n°73, p. 137, disponible à l'adresse <https://www.cairn.info/revue-droits-2021-1-page-125.htm>.

⁴⁸ §81h du Code de procédure pénale allemand.

⁴⁹ H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », E-avis ISDC 2020-02, Institut suisse de droit comparé, actualisé au 28 août 2020, p. 80, disponible à l'adresse <https://www.isdc.ch/media/1953/e-2020-02-20-016-use-of-dna.pdf>.

système d'information. La seconde consiste en une recherche ciblée de profils d'ADN similaires dans le système d'information. La recherche passive est encadrée moins strictement que la recherche active⁵⁰. Cette dernière est en effet limitée à certaines infractions graves. Les recherches actives peuvent ainsi être diligentées d'une part en cas de soupçon de tous les crimes passibles d'une peine maximale d'au moins huit ans de prison et, d'autre part en cas de soupçon de crimes limitativement énumérés par la loi et passibles d'une peine maximale d'au moins six ans de prison⁵¹. Les Pays-Bas jouent un rôle de pionnier au niveau international en matière d'utilisation de l'ADN à des fins de poursuite pénale. L'identification des auteurs d'infractions a été introduite dans la procédure pénale néerlandaise dès 1994⁵² ce qui en fait le premier pays au monde à s'être doté d'une législation spécifique relative à l'utilisation de l'ADN dans le cadre des enquêtes pénales⁵³. Ils poursuivent dans cette voie en utilisant des procédés innovants. Tel est le cas de l'expérimentation par les Pays-Bas d'une méthode de combinaison du phénotypage⁵⁴ avec une recherche familiale patrilinéaire. Celle-ci consiste à ne contacter que les hommes répondant aux critères du phénotypage pour une participation volontaire au profilage Y-STR. Cette méthode permet ainsi de resserrer les recherches familiales à une population qui a pu être définie en amont grâce au phénotypage et évite les dépistages de masse. Une telle méthode a pu être utilisée avec succès notamment dans une affaire médiatisée dite « affaire Milica Van Doorn »⁵⁵.

La France limite pareillement, en apparence, les recherches familiales à certaines infractions. Elle autorise en effet le recours à cette technique lorsque les nécessités d'une enquête ou d'une information concernant l'un des crimes prévus à l'article 706-55 du Code de procédure pénale l'exigent. Il y a toutefois lieu de relever que les crimes prévus à cet article sont nombreux. Un arrêté du 6 juillet 2016 précise que l'empreinte doit correspondre à un contributeur unique et

⁵⁰ Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020, p.29.

⁵¹ H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », *op. cit.*, p. 82.

⁵² H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », *op. cit.*, p.74.

⁵³ A. M'CHAREK, V. TOOM, L. JONG, « The Trouble with Race in Forensic Identification », *Science, Technology, & Human Values*, 45(5), 2020, p.807, disponible à l'adresse <https://doi.org/10.1177/0162243919899467>

⁵⁴ Le phénotypage est autorisé aux Pays-Bas pour la détermination de critères limitativement énumérés, à savoir le sexe, la race, la couleur des yeux, la couleur des cheveux et la couleur de la peau. Voy. article 1b. du décret sur les tests ADN dans les affaires pénales néerlandais.

⁵⁵ M. KAYSZER et al., « Recent advances in Forensic DNA Phenotyping of appearance, ancestry and age », *Forensic Science International: Genetics*, 2023, p.2.

détermine le nombre et la nature des segments d'ADN non codants nécessaires à la réalisation de rapprochements en parentalité dans le FNAEG⁵⁶.

III. Les prélèvements de masse

Les prélèvements de masse font référence, selon Elsa SUPIOT, au prélèvement de l'ADN de toute une population sans indice permettant de suspecter particulièrement un ou plusieurs individus déterminés⁵⁷. Cette technique est couramment utilisée dans le cadre d'enquêtes pénales dans différents ordres juridiques⁵⁸.

De tels prélèvements sont parfois réalisés sur le fondement de dispositions légales sans être spécifiquement prévus par la loi. C'est le cas en **France** où l'article 706-54 alinéa 3 du Code de procédure pénale permet de faire procéder à un rapprochement de l'empreinte de toute personne à l'encontre de laquelle il existe une ou plusieurs raisons plausibles de soupçonner qu'elle a commis une des infractions permettant l'enregistrement au FNAEG. En l'absence de concordance, cette empreinte ne pourra pas être conservée dans le fichier. Elsa SUPIOT fait toutefois observer que les prélèvements de masse ne répondent pas précisément aux conditions de l'article précité lequel impose la qualité de suspect alors qu'un prélèvement de masse intervient par essence lorsqu'aucune piste ne permet d'orienter l'enquête si ce n'est un secteur géographique lié à l'infraction⁵⁹. Cela permet dès lors à la personne sollicitée pour participer à un tel prélèvement de refuser de s'y soumettre sans craindre d'être poursuivie pour un tel refus puisqu'aucun élément d'enquête ne permet d'établir un lien entre elle et l'affaire⁶⁰.

Aux Pays-Bas, l'analyse d'ADN de masse est prévue par la loi. La loi néerlandaise prévoit qu'« un groupe de quinze tiers ou plus ne peut être invité à fournir du matériel cellulaire qu'après autorisation écrite du juge d'instruction à la demande du procureur général »⁶¹. Ce

⁵⁶ Arrêté du 6 juillet 2016 déterminant le nombre et la nature des segments d'ADN non codants nécessaires à la réalisation de rapprochements en parentalité dans le fichier national automatisé des empreintes génétiques. NOR : JUSD1618384A, *JORF* n°0229 du 1 octobre 2016, disponible à l'adresse <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000033171764>.

⁵⁷ E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », Rapport de recherche, Mission de Recherche Droit et Justice, 2017, p. 116, disponible à l'adresse <https://shs.hal.science/halshs-01613110/document>

⁵⁸ E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », *op.cit.*, p. 116.

⁵⁹ E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », *op.cit.*, p. 119.

⁶⁰ L'article 706-56 du Code de procédure pénale français incrimine le refus de se soumettre à un prélèvement biologique. Voy. en ce sens E. SUPIOT, « Le procès pénal à l'épreuve de la génétique », *op.cit.*, p. 119.

⁶¹ Article 151a al. 1 du Code de procédure pénale néerlandais.

même article prévoit que le matériel cellulaire ne peut être collecté qu'avec l'autorisation écrite du suspect ou du tiers. Le Procureur peut toutefois ordonner un tel prélèvement en l'absence de consentement de la personne concernée s'il existe des indices sérieux de culpabilité de la commission d'une infraction visée à l'article 67 §1 du Code de procédure pénale néerlandais⁶².

L'Allemagne est un ordre juridique intéressant en matière de prélèvements de masse puisque ceux-ci y sont expressément prévus par la loi sous réserve du consentement des personnes concernées⁶³. Une telle mesure est cependant prévue de manière complémentaire à une recherche familiale⁶⁴, le texte limitant les prélèvements de masse à certains types d'infractions et aux fins de déterminer si les traces proviennent de ces personnes ou de leurs proches en ligne directe ou en ligne collatérale jusqu'au troisième degré⁶⁵.

IV. Banques de données ADN

A. Etablissement des profils Y-STR et ADNmt dans les banques de données forensiques

En Suisse l'article 11 de la loi sur les profils ADN prévoit que les profils d'ADN du chromosome Y établis en vertu de l'article 255, alinéa 3 du Code de procédure pénale peuvent être saisis dans le système d'information. L'article 17a de cette même loi prévoit les modalités d'effacement de ces profils d'ADN du chromosome Y.

Aux Etats-Unis, les données ADN générées par les techniques de PCR Short Tandem Repeat (STR), de chromosome Y (Y STR) et d'ADN mitochondrial (ADNmt) sont acceptées par le NDIS (National DNA Index System)⁶⁶. Le système américain est complexe en termes de banques de données. Il s'appuie d'abord sur les banques de données issues du système CODIS, un index national comprenant les dossiers d'identification ADN des personnes condamnées pour des crimes, les analyses des échantillons d'ADN récupérés sur les scènes de crime et les analyses des échantillons d'ADN récupérés sur des restes humains non identifiés. Au sein du

⁶² Article 151b du Code de procédure pénale néerlandais.

⁶³ §81h du Code de procédure pénale allemand.

⁶⁴ E. SUPLOT, « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d'une pratique », *op.cit.*, p. 137.

⁶⁵ §81h du Code de procédure pénale allemand.

⁶⁶ H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », *op. cit.*, p. 132.

système CODIS on trouve des banques de données fédérales, étatiques et locales. Il existe également des banques de données qui opèrent en dehors du systèmes CODIS.

B. Recours aux banques de données récréatives

La thématique de l'utilisation des banques de données récréatives dans le cadre des enquêtes pénales conduit inmanquablement à l'exemple des Etats-Unis et à une affaire célèbre qu'est celle du « Golden State killer ». En 2018, les forces de police de Californie ont en effet saisi l'ADN provenant d'une scène de crime liée à des affaires de meurtres en série non résolus dans une banque de données récréative. L'ADN de l'un des parents du tueur est apparu dans cette banque de données, ce qui a finalement permis d'identifier et d'arrêter un suspect qui a été inculpé de plusieurs viols et meurtres.

Depuis, plusieurs autres Etats américains ont pu avoir recours à de telles banques de données privées pour résoudre plusieurs « cold cases »⁶⁷. En effet, en dépit de leurs politiques de confidentialité, des sociétés à l'origine de ces banques de données récréatives ont laissé aux forces de l'ordre l'accès aux données génétiques qu'elles recensaient. Le recours à ces banques de données soulève nécessairement des questionnements de protection de la vie privée et des données personnelles eu égard à la sensibilité des informations génétiques qu'elles hébergent. L'état du Maryland a adopté une loi réglementant l'utilisation par les forces de l'ordre des données génétiques enregistrées sur des banques de données récréatives à des fins d'investigation (dit « la *généalogie génétique médico-légale* »)⁶⁸.

Le Montana⁶⁹ et l'Utah⁷⁰ avaient aussi promulgué des lois concernant l'utilisation de telles données génétiques, dont la portée est plus limitée que celle du Maryland.

Cette nouvelle loi du Maryland comprend six caractéristiques :

- Un contrôle judiciaire *ex ante* de l'utilisation par les forces de l'ordre de la généalogie génétique médico-légale (conditionnement de toute recherche à une autorisation

⁶⁷ H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », *op. cit.*, pp. 139-140.

⁶⁸ Maryland, 681 (2021), Procédure pénale - Analyse, recherche, réglementation et surveillance de l'ADN généalogique et génétique médico-légale.

⁶⁹ Montana, 602 (2021), Loi révisant généralement les exigences des mandats pour les résultats des recherches ADN, 67^{ème} législation.

⁷⁰ Utah, 227 (2021), Genetic information privacy act, session générale 2021.

judiciaire et critères précis (gravité des faits, qualité de l'échantillon, utilisation d'autres méthodes sans succès, recherches sans résultat dans les banques de données des services répressifs,) ;

- Un contrôle individuel sur l'utilisation à des fins d'investigation de ses données génétiques (soit consentement explicite des consommateurs) ;
- Protections suffisantes pour les tiers non-suspects (soit dans le cadre de recherche familiale) ;
- Une utilisation tant pour prouver la culpabilité que l'innocence ;
- Des sanctions en cas de violation ;
- Production annuelle publique d'un rapport et un examen

Précurseur, l'état du Maryland a le mérite de consacrer des garde-fous entre respect à la vie privée et la sécurité publique. D'aucuns annoncent, d'ores et déjà, la source d'inspiration que cette loi représentera⁷¹.

En Europe, certains Etats interdisent tout simplement le recours à de telles banques de données ADN récréatives. C'est notamment le cas de la **France**, qui limite les hypothèses dans lesquelles un test génétique peut être réalisé et les personnes autorisées à pratiquer ce test⁷², cet encadrement étant par ailleurs assorti de sanctions pénales^{73,74}. Une telle interdiction n'empêche toutefois pas certains français de recourir à de telles entreprises de génétique personnelle⁷⁵. Si d'autres pays européens n'interdisent pas, à proprement parler, le recours à ces banques de données récréatives, le dispositif juridique européen semble aujourd'hui, selon Elsa SUPLOT, limiter les risques d'un détournement des bases de données génétiques à des fins récréatives.

Attaché à la protection des données personnelles et particulièrement celles, sensibles, contenant des données génétiques, le droit de l'Union européenne encadre en effet strictement leur traitement⁷⁶.

⁷¹ N. RAM, E. MURPHY and S. SUTER, « Regulating forensic genetic genalogy – Maryland's new law provides a model for other », *Policy forum - Science*, 2021, vol. 373 (6562), pp. 1444-1446.

⁷² Articles 16-10 et suivants du Code civil français.

⁷³ Articles 226-25 à 226-30 du Code pénal français.

⁷⁴ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *op.cit.*, p. 41.

⁷⁵ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *op.cit.*, p. 41.

⁷⁶ E. SUPLOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *op.cit.*, p. 42.

BIBLIOGRAPHIE

Législation et jurisprudence

Loi n°94-653 du 29 juillet 1994 relative au respect du corps humain, *JORF* n°175 du 30 juillet 1994

Loi néerlandaise du 8 mai 2003 modifiant la réglementation de l'examen de l'ADN dans les affaires pénales dans le cadre de la détermination de caractéristiques personnelles observables de l'extérieur à partir du matériel cellulaire

Décret néerlandais sur les tests ADN dans les affaires pénales

Loi fédérale suisse du 20 juin 2003 sur l'utilisation de profils d'ADN dans les procédures pénales et sur l'identification de personnes inconnues ou disparues

Crim., 25 juin 2014, n° 13-87.493

Arrêté du 6 juillet 2016 déterminant le nombre et la nature des segments d'ADN non codants nécessaires à la réalisation de rapprochements en parentalité dans le fichier national automatisé des empreintes génétiques. NOR : JUSD1618384A, *JORF* n°0229 du 1 octobre 2016

Message du Conseil fédéral suisse concernant la modification de la loi sur les profils d'ADN du 4 décembre 2020

Maryland, 681 (2021), Procédure pénale - Analyse, recherche, réglementation et surveillance de l'ADN généalogique et génétique médico-légale

Montana, 602 (2021), Loi révisant généralement les exigences des mandats pour les résultats des recherches ADN, 67^{ème} législation

Utah, 227 (2021), Genetic information privacy act, session générale 2021

Doctrine

D. BEAUVAIS et L. PENE, « Le portrait-robot génétique : aspects juridiques et scientifiques », *Droit pénal*, n°9, septembre 2018

C. BRICOT, « Les empreintes génétiques et les limites de l'expertise », *Médecine & Droit* 2023

O. GUEYE, F. PELLEGRINI, « *Vers une remise en cause de la légalité du FNAEG ?* », *Convergences du Droit et du Numérique*, Forum Montesquieu, Université de Bordeaux, Septembre 2017

M. KAYSZER et al., « Recent advances in Forensic DNA Phenotyping of appearance, ancestry and age », *Forensic Science International: Genetics*, 2023

A. M'CHAREK, V. TOOM, L. JONG, « The Trouble with Race in Forensic Identification », *Science, Technology, & Human Values*, 45(5), 2020

T. PLÜMECKE, et K. SCHRAMM, « Couplages permanents. Natures Cultures des racialisations actuelles » in *Un/doing Race, Racialisation en Suisse*, sous la direction de J. DOS SANTOS PINTO et al., Editions Seismo, 2022

N. RAM, E. MURPHY and S. SUTER, « Regulating forensic genetic genalogy – Maryland’s new law provides a model for other », *Policy forum - Science*, 2021, vol. 373 (6562)

C. RICCARDI et L. RICHEFEU, « Les nouvelles utilisations de la génétique dans le cadre de la procédure pénale », *Revue de science criminelle et de droit pénal comparé*, 2018/2, n°2

G. SAMUEL et B. PRAINSACK, « The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe », VISAGE, 2018

E. SUPIOT, « Le procès pénal à l’épreuve de la génétique », Rapport de recherche, Mission de Recherche Droit et Justice, 2017

E. SUPIOT, « Affiliation génétique. Perspectives et écueils d’une pratique », *Droits*, 2021/1, n°73

E. SUPIOT, « La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants », *Droit, Santé et Société*, 2022/1

H. WESTERMARK et al., « The regulation of the use of DNA in law enforcement », E-avis ISDC 2020–02, Institut suisse de droit comparé, actualisé au 28 août 2020

Autres

Avis relatif à l’expertise génétique aux fins de détermination des traits morphologiques apparents, Commission nationale consultative des droits de l’homme (CNCDH), assemblée plénière du 17 mars 2016, *JORF* n°0084 du 9 avril 2016

TABLEAU DE DROIT COMPARÉ

PAYS	LOI ADN	CODANT/NON-CODANT	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO- GEOGRAPHIQUES
Belgique	Loi du 22 mars 1999 modifiée à plusieurs reprises --- Projet de loi du 18 octobre 2023 en cours	Exploitation de l'ADN non-codant uniquement --- Possibilité d'exploitation de l'ADN codant avec le projet de loi du 18 octobre 2023	Pas de phénotypage possible, pas de portrait-robot génétique (puisqu'on ne peut pas utiliser l'ADN codant) --- Le projet de loi du 18 octobre 2023 autorise, à titre subsidiaire, l'analyse ADN visant à déterminer la couleur des cheveux, la couleur des yeux, l'âge et l'origine biogéographique de la source inconnue de la trace découverte.	Pas possible en l'état actuel de la législation belge. --- Projet de loi du 18 octobre 2023 offre = possibilité d'ordonner une recherche familiale pour certaines infractions et à titre subsidiaire (recherche du père, mère, des fils, filles, des frères ou sœurs biologiques de la source d'un profil ADN non identifié provenant d'une trace découverte sur base d'une comparaison de ce profil ADN avec les profils ADN des échantillons de	Les analyses de l'ADNmt et de l'ADN du chromosome Y = parfois utilisées dans certains dossiers judiciaires mais la législation belge n'encadre pas précisément leur usage. Seule l'annexe à l'arrêté royal du 4 février 2002 apporte une précision, indiquant que l'ADN mitochondrial peut être déterminé à titre de test complémentaire mais pas comme méthode comparative. --- Le projet de loi du 18 octobre 2023 prévoit que le	En vertu de la loi ADN actuelle, l'expert doit détruire l'échantillon de référence prélevé sur un suspect et les échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN dans les 6 mois suivant la communication des résultats, sauf décision contraire du Procureur du Roi. Même délai de conservation de 6 mois pour les échantillons de référence et échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN des personnes disparues et des personnes non	Pas spécifiquement réglementé par la législation belge actuelle. La législation actuelle autorise les prélèvements ADN sous contrainte tant à l'égard de personnes suspectes que non suspectes, pour autant qu'elles présentent des indices d'implication directs avec l'enquête. Ou alors il faut l'accord des personnes concernées. --- Une proposition de loi a été déposée le 21 janvier 2021	Suppose l'autorisation d'exploiter l'ADN codant ce qui n'est pas possible dans le cadre de la législation belge actuelle. --- Le projet de loi du 18 octobre 2023 autorise, à titre subsidiaire, l'analyse ADN visant à déterminer la couleur des cheveux, la couleur des yeux, l'âge et l'origine biogéographique de la source inconnue de la trace découverte.

				référence enregistrés dans les BND ADN “Criminalistique” et “Condamnés”). procureur du Roi peut, par décision motivée, requérir l’expert d’établir le profil Y-STR ou le profil ADNmt des traces découvertes, en précisant les circonstances de l’affaire qui justifient cette analyse. Le projet prévoit également l’établissement systématique des profils Y-STR des traces, des suspects et des condamnés dans les cas de violence sexuelle.	suspectes. Pour les personnes condamnées : destruction immédiate de l’échantillon. Les extraits ADN de traces découvertes sont conservés pendant 30 ans. --- Le projet de loi du 18 octobre 2023 prévoit que les matériaux cellulaires pertinents, les échantillons de référence et les échantillons qui en dérivent des suspects et des personnes condamnées seront conservés pendant 30 ans (les labo les transmettent à l’INCC, qui en assure la conservation). Pour les personnes non suspectes, la période de six mois	pour permettre aux autorités, moyennant le respect de conditions strictes, de prélever un échantillon de référence même en l’absence d’indices sérieux de culpabilité. Aucun critère de rattachement des personnes faisant parti du groupe cible, même indirect, avec l’enquête n’est repris dans cette disposition. Cette proposition de loi n’a toujours pas fait l’objet de débat à la Chambre.	

						continue de s'appliquer, et pour les parents de personnes disparues, l'échantillon de référence et les échantillons qui en dérivent contenant de l'ADN seront conservés tant que la personne disparue n'aura pas été retrouvée. De cette façon, les délais de conservation des échantillons de référence et des échantillons qui en dérivent sont alignées sur le délai de conservation des profils ADN établis à partir de ces échantillons		

PAYS	LOI ADN	CODANT/NON-CODANT	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO- GEOGRAPHIQUES
France	Encadrement issu des lois bioéthique de 1994. <u>Art. 16-10 CC</u> : examen des caractéristiques génétiques d'une personne possible uniquement à des fins médicales ou de recherche scientifique <u>Art. 16-11 CC</u> : identification d'une personne par ses empreintes génétiques possible dans le cadre : de mesures d'enquête ou d'instruction diligentées lors d'une procédure judiciaire, à des	En principe non-codant pour les mesures d'enquête ou d'instruction diligentées lors d'une procédure judiciaire (<u>art. 16-11 CC</u>) et codant uniquement à des fins médicales ou scientifiques (<u>art. 16-10 CC</u>). <u>L'art. 706-54 CPP</u> précise par ailleurs, concernant le FNAEG : « <i>Les empreintes génétiques conservées dans ce fichier ne peuvent être réalisées qu'à partir de segments d'acide désoxyribonucléique non codants, à l'exception du segment correspondant au marqueur du sexe</i> ».	Selon la loi en principe non mais la JP a pu l'autoriser pour l'identification des caractères apparents d'une personne (voir colonne précédente).	La technique est connue en France sous le nom de « recherche en parentèle » ou « rapprochements en parentalité » (E. SUPIOT, La conformité de la recherche en parentèle). Mise en œuvre pour la 1^{ère} fois en France en 2010 dans le cadre de l'affaire Elodie Kulik, puis dans d'autres affaires, alors que la législation française n'encadrerait pas précisément la pratique. (E. SUPIOT, La conformité de la recherche en parentèle). <u>La loi du 3 juin 2016</u> a inséré	A priori les profils Y-STR ne sont pas à proprement parler enregistrés dans la Banque de données française (le FNAEG). Mais le CODIS (moteur de recherche permettant d'effectuer des comparaisons de profils génétiques) est utilisé au sein du FNAEG pour des recherches dites en « parentalité » ou sur des personnes disparues. Cette gestion ne peut actuellement pas se faire dans le FNAEG car celui-ci ne gère ni les personnes disparues, ni la parentèle, ni les demi-profils. (Cahier des Clauses Techniques	<u>Durée de conservation échantillons</u> : <u>Art. R53-20-1 CPP</u> : Sauf décision contraire d'un magistrat ou OPI, les scellés et prélèvements relatifs aux traces et échantillons (...) sont adressés, lorsque l'analyse a été effectuée, au service central de préservation des prélèvements biologiques en vue de leur préservation. <u>Art. 53-20-2 CPP</u> : « <i>Les scellés et prélèvements sont préservés selon les mêmes durées maximales prévues à l'article R. 53-14 applicables aux données</i>	Si de tels prélèvements ont pu être réalisés en France, ils ne font pas l'objet d'un encadrement spécifique (E. SUPIOT, La conformité de la recherche en parentèle aux exigences de la CEDH : des doutes persistants). Plusieurs exemples de tels prélèvements en France dans des affaires « célèbres » avec des champs d'application géographiques différents : Affaire Dickinson (limité à la commune de Pleine-Fougères	Selon la loi en principe non puisque suppose d'utiliser l'ADN codant.

	fins médicales ou de recherche scientifique, aux fins d'établir, lorsqu'elle est inconnue, l'identité de personnes décédées, dans le cadre d'une opération militaire pour établir l'identité d'une personne, à des fins de lutte contre le dopage.	<u>L'art. R53-13 CPP</u> ajoute : « <i>Le nombre et la nature des segments d'ADN non codants sur lesquels portent les analyses d'identification par empreintes génétiques sont définis par arrêté du ministre de la justice et du ministre de l'intérieur (...)</i> ». <u>Le Garde de sceaux a rappelé cela dans une dépêche du 29 juin 2011</u> et préconisait de ne pas recourir aux expertises tendant à établir un portrait-robot génétique (D. BEAUVAIS). Mais JP <u>Crim. 25 juin 2014</u> = a validé une procédure d'expertise génétique visant à l'identification des caractères apparents d'un suspect à partir des traces d'ADN		<u>L'art. 706-56-1-1 dans le CPP</u> autorisant cette technique à titre subsidiaire « <i>lorsque les nécessités d'une enquête ou d'une information concernant l'un des crimes prévus à l'article 706-55 l'exigent</i> » (les crimes visés par cet article sont assez nombreux). Le texte précise que cela concerne la « <i>recherche de personnes pouvant être apparentées en ligne directe</i> » à la personne inconnue. Cela exclue ainsi les fratries et cousins (O. GUEYE, Vers une remise en cause de la légalité du FNAEG). Pris à la lettre la ligne directe désigne toutefois l'enchaînement	Particulières FNAEG). Cette technique a été utilisée notamment dans le cadre de l'affaire Elodie Kulik (voir Rapport explicatif en vue de l'ouverture de la procédure de consultation - modification de la loi sur les profils ADN (Suisse) – 2019).	<i>auxquelles ils correspondent. Sauf demande contraire et expresse du magistrat compétent, ils sont détruits d'office par le service à l'expiration de ces durées</i> ». Durée conservation des profils : CF art. R. 53-14 CPP : ► 25 ANS à compter de l'enregistrement au FNAEG : Traces issues de pers. Inconnues en cas de crime ou délit flagrant OU en cas de recherche des causes de la mort ou disparition. Porté à 40 ans pour certains crimes ou délits graves. ► 15 ANS à compter de l'enregistrement	où a été commis le crime), affaire Estelle Mouzin (prélèvements réalisés dans toute la France),... (E. SUPLOT, le procès pénal à l'épreuve de la génétique).	

		relevées sur des victimes de viols. Toutefois cet arrêt n'a pas la portée d'un arrêt de principe et il est permis de douter de la prévisibilité du droit en la matière (D. BEAUVAIS). <u>Avis de la CNCDH du 29 févr. 2016</u> à la demande du Garde des Sceaux : a proposé un certain nombre de recommandations visant à assurer un encadrement strict du recours à de telles expertises.		des générations, « la suite des degrés entre personnes qui descendent l'une de l'autre » ce qui semblerait donc inclure les grands-parents, arrière-grands-parents, petits-enfants, arrière-petits enfants etc. Ce n'est pourtant par l'intention du législateur selon E. SUPOT ((E. SUPOT, La conformité de la recherche en parentèle). <u>Un arrêté du 6 juillet 2016</u> précise que l'empreinte doit correspondre à un contributeur unique et détermine le nombre et la nature des segments d'ADN non codants nécessaires à la réalisation de rapprochements		au FNAEG: échantillons prélevés sur les personnes contre lesquelles il existe des indices graves ou concordants. Diminué à 10 ans pour les mineurs. Porté à 25 ans pour certains crimes ou délits graves. ► 25 ANS à compter du caractère définitif de la déc° : échantillons prélevés sur les personnes définitivement condamnées ou déclarées irresponsables pénalement. Porté à 40 ans pour certains crimes ou délits graves. Diminué à 15 ans pour les mineurs. ► 40 ANS à compter de l'enregistrement au FNAEG : traces issues de cadavres	

				en parentalité dans le FNAEG.		non identifiés, traces et échantillons issus ou susceptibles d'être issus d'une personne disparue, échantillons prélevés, avec leur accord, sur les ascendants ou descendants d'une personne disparue. Idem pour les traces/échantillons relatives aux victimes des crimes sériels ou non élucidés. ► 25 ANS à compter de l'enregistrement au FNAEG : Les résultats des analyses d'identification par empreintes génétiques transmis par des organismes de coopération internationale.		

PAYS	LOI ADN	CODANT/NON-CODANT	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO- GEOGRAPHIQUES
Pays-Bas	Les Pays-Bas jouent un rôle de pionnier au niveau international en matière de l'utilisation de l'ADN à des fins de poursuite pénale. L'identification des auteurs d'infractions a été introduite dans la procédure pénale néerlandaise dès 1994 (art. 138a, 151a, 195a Sv). (E-Avis ISDC 2020-02). In 1994, the Netherlands was the first country in the world to introduce special legislation for	Codant autorisé par la loi.	Depuis 2003, le recours à l'analyse ADN pour la détermination des caractères morphologiques apparents d'un individu est encadré explicitement. Le procureur (art. 151d CPP) ou le juge de l'enquête (art. 195f) peut, dans l'intérêt de l'enquête, ordonner qu'une enquête ADN ait lieu aux fins de constater les caract. extérieures d'un suspect inconnu ou d'une victime inconnue [...]. L'enquête ADN ne peut être destinée qu'à la constatation du sexe, de la «	Les comparaisons de profils ADN pour établir des liens de parenté, c'est-à-dire les recherches de parenté, sont prévues par la loi néerlandaise depuis 2012 dans le cadre de la procédure pénale (art. 151da, 195g Sv). Limité à certaines infractions graves graves (peine minimale d'emprisonnement de 6 ans). (E-Avis ISDC 2020-02). <u>Combinaison phénotypage + recherches familiales :</u> Dans le cas où les auteurs sont des hommes inconnus, une méthode efficace consiste à	Having said that, FDP findings from ancestry inference tests are not stored in a national database. (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018).	Le matériel cellulaire lié à des infractions pénales et les profils ADN qui leur sont associés sont conservés par le Nederlands Forensisch Instituut (NFI) dans la banque de données ADN néerlandaise en matière pénale. (E-Avis ISDC 2020-02). Différents délais prévus en fonction de l'origine du profil ADN.	L'analyse d'ADN de masse est prévue par la loi (art. 151a al. 1 CPP) (E-Avis ISDC 2020-02).	This legislation limits the use of FDP to predictions of biogeographical ancestry (called 'race' in the Netherlands), and defined externally visible characteristics => <u>Section 151d of The Code of Criminal Procedure</u> : <i>"(...) 2. The DNA testing may only be aimed at establishing the sex, race or other externally observable personal characteristics designated by Governmental Decree."</i> (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in

	the use of forensic DNA (M'charek, A., Toom, V., & Jong, L. (2020). The Trouble with Race in Forensic Identification).		race », ou d'autres caractéristiques déterminées par un règlement (le sexe, la race, la couleur des yeux, la couleur des cheveux (décret sur les enquêtes ADN, article 1b). Cela concerne les infractions pour lesquelles il peut être recouru à la détention provisoire (Art67, alinéa 1). (D. BEAUVAIS). FDP is restricted to a number of explicitly listed BGA, eye color, hair color and skin color in the Netherlands. (M. Zieger – Forensic DNA phenotyping in Europe how far may it go 2022).	combiner le phénotypage avec une recherche familiale patrilinéaire, en ne contactant que les hommes qui répondent aux critères du phénotypage pour une participation volontaire au profilage Y-STR. Cela évite les dépistages de masse et a été utilisé avec succès pour l'affaire du meurtre et viol de Milica van Doorn aux Pays-Bas. (Recent advances in Forensic DNA Phenotyping of appearance, ancestry and age, 2023).				Europe, VISAGE, 2018).

PAYS	LOI ADN	CODANT/NON-CODANT	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO- GEOGRAPHIQUES
Royaume-Uni	The National DNA Database (the “NDNAD”) of England and Wales, established in 1995, was the first forensic DNA database in the world. (E-Avis ISDC 2020-02). In the UK, there is no explicit legislation governing which techniques can be used for forensic DNA analyses for crime scene DNA stains. The legislation that exists governs only the collection, processing and storage of DNA for forensic purposes. As such, according to the letter of the law, FDP is permitted. (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018). England and Wales (and Scotland/Northern Ireland) use the common law legal system. This means that, alongside legislation, formal law is produced in the courts and based on precedent (i.e., previous	Pas d’encadrement législatif spécifique.	UK legislation does not lay down any legal provisions which prohibit the evaluation of personal characteristics obtained from DNA profiles (known as “phenotyping”) for the purposes of law enforcement. Technology used for forensic DNA phenotyping to determine physical traits is not yet accredited in the UK for use as evidence; in other words, it cannot provide evidence which would be admissible before the UK	Pas d’encadrement spécifique dans la législation britannique. In the absence of legislative rules, there are no specific limits on the types of offences for which familial searches will be carried out. (E-Avis ISDC 2020-02). There is no specific regulation forbidding FDP and, thus FDP for ancestry inference is considered permitted. (The regulatory landscape of forensic DNA		The National DNA Database (the “NDNAD”) was established in 1995 and holds the electronic records of DNA (known as “profile records”) taken from individuals and crime scenes. It provides police with matches linking an individual to a crime scene or a crime scene to another crime scene. <u>Retention of DNA samples:</u> Any DNA sample that is taken in connection with the investigation of an offence must		

	court decisions). Legislation relevant to FDP includes: → The Police and Criminal Evidence Act (PACE) 1984 in England and Wales (in Scotland: the Criminal Procedure Act 1995; in Northern Ireland: Police and Criminal Evidence Order 1989) / Protection of Freedoms Act (POFA) 2012 → The Criminal Procedures and Investigation Act 1996 (legislation pertaining to conduct of a criminal investigation) + Relevant oversight bodies (voir le document pour des précisions sur les “relevant oversight bodies”). (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018). The relevant legislation relating to the storage of DNA includes: → Police and Criminal Evidence Act (PACE) 1984 → Protection of Freedoms Act (POFA) 2012		courts. (E-Avis ISDC 2020-02). Phenotyping continues to rarely be used in the UK, and only ever as a last resort. (E-Avis ISDC 2020-02). There is no explicit regulation for appearance prediction testing, and no implicit prohibition, so technically appearance prediction findings could be stored. Having said this, FDP is seldomly used in the UK, and FDP findings for appearance prediction are not stored in the national DNA database at present. (The regulatory landscape of	phenotyping in Europe, VISAGE, 2018). There is no explicit regulation for ancestry testing, and no implicit prohibition, so technically ancestry testing findings could be stored. Having said this, FDP is seldomly used in the UK, and FDP findings for ancestry testing are not stored in the national DNA database at present. (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018).		be destroyed as soon as a DNA profile has been derived from it, and in any event, within 6 months of the date it was taken. 639 If the sample may be required for use as evidence in court, it may be retained for the duration of proceedings under the Criminal Procedure and Investigations Act 1996. Moreover, the responsible chief officer of police may apply to a District Judge of a Magistrates’ Court for an order to retain a sample beyond the 6-month period, but only in connection with the investigation of		

			forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018).			a qualifying offence and where the officer considers that the sample is likely to be needed in any proceedings for the offence. Where an order is granted, the sample will be retained for a period of an additional 12 months, and may be renewed for a further period of not more than 12 months. (E-Avis ISDC 2020-02). <u>Retention of DNA profiles:</u> The criteria for the retention of biometric data from an individual who is convicted of a recordable offence and who was 18 years of age or		

						over at the time of the offence remain largely unchanged and fingerprint records and DNA profiles will be retained indefinitely. Where an individual is under 18 at the time the offence was committed, the duration of retention of biometric data will depend on the type of offence that was committed and the severity of the sentence imposed. (E-Avis ISDC 2020-02). <u>Retention of DNA where investigation does not lead to a conviction:</u> A person charged with a qualifying offence who is		

						subsequently not convicted of that offence will have their DNA data retained for a period of three years. An individual who is arrested for a qualifying offence but not charged may have their biometric data retained only with the consent of what is known as the Biometrics Commissioner. (E-Avis ISDC 2020-02). VOIR TABLEAU RECAP DANS LE DOCUMENT (E-Avis ISDC 2020-02).		

PAYS	LOI ADN	CODANT/NON-CODANT	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE + AGE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO- GEOGRAPHIQUES
	La loi (Code de procédure pénale allemand, § 81e) autorise seulement : a) <u>la comparaison de l'ADN du suspect avec la trace découverte sur le lieu de l'infraction et la comparaison entre une trace trouvée et celles figurant dans le fichier des empreintes génétiques ;</u> b) <u>en l'absence de suspect, des tests de masse sur une population ciblée ;</u> c) <u>le prélèvement « préventif », sur les personnes condamnées à une époque où les empreintes génétiques n'étaient pas utilisées.</u> (D. BEAUVAIS). In terms of FDP (forensic DNA phenotyping), the relevant legislations are: → German Code of Criminal Procedure (Strafprozessordnung; StPO): sections 81a-81h for criminal cases; section 88 for missing person cases	Codant autorisé depuis l'admission du phénotypage depuis Loi de 2019 : voir fin de la colonne suivante.	En Allemagne, le recours au portrait-robot génétique dans l'enquête pénale n'est pas autorisé à ce jour. Le régime juridique allemand étant régi par le principe de légalité, toute procédure qui n'est pas expressément prévue par la loi est en principe interdite. (D. BEAUVAIS). Deux projets de loi ont été déposés en 2017, l'un au niveau fédéral, l'autre au parlement du Bade-Wurtemberg,	Section 81e states that no DNA analysis, bar that relating to 'gender' (this is the term used in the official English legal texts, and so we use it here, but understand that the translation is more accurately biological sex), descent (i.e. lineage ancestry), or the need to match the offender, is permitted. (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018).			En Allemagne, la recherche en parentèle constitue une mesure complémentaire d'un prélèvement de masse réalisé sur une population déterminée au regard des besoins de l'enquête. (E. SUPLOT, Affiliation génétique, Perspectives et écueils d'une pratique 2021).	In Germany, in November 2019, the Bundestag (Parliament) and Bundesrat (Federal Council) approved a change in the law to permit forensic DNA phenotyping (with the exception of the DNA-based inference of biogeographic ancestry). (P.M. Schneider - The Use of Forensic DNA Phenotyping in Predicting Appearance and Biogeographic Ancestry, 2019).

	→ Directive on the establishment of the DNA database (Errichtungsanordnung DNA-AnalyseDatei) → Federal Criminal Police Office Act (Bundeskriminalamtgesetz, BKAG) (The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe, VISAGE, 2018).		pour introduire dans la loi la technique du portrait-robot génétique, simplement destiné à établir une probabilité sur la couleur des yeux, des cheveux et de la peau, la représentation de la forme du visage n'étant pas jugée suffisamment fiable, et proposer ainsi un profil type, à titre informatif et non de preuve. (D. BEAUVAIS). UPDATE : In Germany, in November 2019, the Bundestag (Parliament) and Bundesrat (Federal Council) approved a change in the	► §81 h(4) 2 et 3 du code de procédure pénale allemand (StPO) aux termes duquel la recherche en parentèle n'est possible que si un prélèvement de masse a été réalisé. Cette recherche peut alors être menée en ligne directe ou en ligne collatérale jusqu'au 3e degré et à condition que les personnes prélevées aient été informées de ce qu'une telle recherche était susceptible d'être réalisée. (E. SUPLOT, Affiliation				

			law to permit forensic DNA phenotyping (with the exception of the DNA-based inference of biogeographic ancestry; cf. eTable for details). <u>Is forensic DNA phenotyping explicitly legally regulated?</u> Nationwide: yes, since revision of the Code of Criminal Procedure (StPO) in November 2019 Bavaria: yes, but only to avert danger. A change in the StPO to permit forensic DNA analysis for the determination of eye, hair, and skin color and of age was passed by the Bundestag on	génétique, Perspectives et écueils d'une pratique 2021).					

			15 November 2019 and by the Bundesrat on 29 November 2019. The new law still does not permit the analysis of biogeographic ancestry. In Bavaria, molecular genetic studies of tissue samples of unknown origin, taken from crime scenes, have been allowed since May 2018 for the determination of eye, hair, and skin color, age, and biogeographic ancestry, but solely for the purpose of averting danger (not for criminal investigations per se), according to						

			the provisions of the newly revised Police Responsibilities Act. (P.M. Schneider - The Use of Forensic DNA Phenotyping in Predicting Appearance and Biogeographic Ancestry, 2019). FDPis restricted to a number of explicitly listed traits, being eye color, hair color, skin color and age in Germany. (M. Zieger – Forensic DNA phenotyping in Europe how far may it go 2022)					

PAYS	LOI ADN / CODANT-NON CODANT	BANQUES DE DONNES AUTRES QUE FORENSIQUES + AUTRES METHODES	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN + PARTICULARITES AGRESSIONS SEXUELLES	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO-GEOGRAPHIQUES
Etats-Unis	LEGAL SYSTEM : The United States is a confederation; as such, there are both federal and state legal systems and laws. (E-Avis ISDC 2020-02). FEDERAL LAW/STATE LAW: The federal legislature may only legislate in areas specifically authorized by the U.S. Constitution. All other powers are reserved to the States. Federal law takes precedence over state law where both apply. As an example, the federal government and all 50 states have laws requiring the collection of DNA samples from individuals convicted of certain crimes. In addition, the federal government and some, but not all, states have laws concerning the collection of DNA from individuals	Additional databases : In 2018, California law enforcement entered crime-scene DNA from a cold serial killer case (referred to as the Golden State Killer) into a public genealogy and DNA database. The DNA of one of the killer's relatives appeared in that database, eventually leading to the identification and arrest of a suspect who has now been charged with	Federal Database: CODIS was designed to compare a target DNA record against the DNA records contained in the database. No personal identifiers of the offenders, arrestees, or detainees are stored using the CODIS software. State and local database: Three states – Indiana, Rhode Island and Wyoming – specifically prohibit	Federally regulated databases : Familial searching is not currently performed at NDIS. The FBI therefore does not regulate this type of search at the state level. This does not necessarily mean that CODIS does nothing in this area. State and locally regulated databases: Here, again, there is significant	CODIS uses Short Tandem Repeat Polymorphism ("STR") of originally 13, now 20 genome locations. Currently DNA data generated through PCR Short Tandem Repeat (STR) technology, Y chromosome STR (Y STR) technology, and Mitochondrial DNA (mtDNA) technology are accepted at NDIS (the National DNA Index System). Y STR and mtDNA data are only searched with the missing person-related indexes. No personally identifying	DNA PROFILES Federally regulated databases : Laboratories participating in the NDIS are required to expunge qualifying profiles from the National Index under the following circumstances: 1. For convicted offenders, if the participating laboratory receives a certified copy of a final court order documenting the conviction has been overturned; and		

<u>arrested for certain crimes.</u>⁶⁶⁵ It is therefore essential to determine to which DNA databases federal law applies. (E-Avis ISDC 2020-02). <u>DNA DATABASES:</u> DNA databases exist on the federal, state and local levels. The level at which a given database exists will not, in and of itself, determine which laws apply to it. Some of these state and local databases, however, may be subject to federal regulation and, as a result, they may only include the data permitted under that regulation. In particular, this is the case of databases that upload data to the Combined DNA Index System (called “CODIS”) operated by the Federal Bureau of Investigation (“FBI”). (E-Avis ISDC 2020-02). <u>CODIS :</u> Pursuant to the DNA Identification Act the following categories of forensic/offender DNA records may be stored and searched in CODIS:	multiple rapes and murders. Since then, other states have begun using genetic genealogy, particularly to solve cold cases. (E-Avis ISDC 2020-02). <u>Interim DOJ policy on emerging methods to generate new investigative leads :</u> If the search of an FGG (Forensic Genetic Genealogical DNA Analysis and Searching) profile results in one or more apparent genetic associations, this may be used by law enforcement but only as an investigative lead. No	forensic DNA phenotyping. The State of Vermont does not generally prohibit phenotyping, but forbids DNA analysis for identification of any medical or genetic disorder. Texas, however, allows forensic phenotyping to trace unknown suspects. Many other states’ laws use formulations that arguably cover forensic phenotyping for tracing an unknown suspect (e.g. For example, to “determine identification characteristics specific to the person” (Connecticut, Georgia, New	variation from state to state⁷³⁵ and may also vary from agency to agency. Fourteen states now have familial searching protocols in place: Arizona, Arkansas, California, Colorado, Florida, Michigan, Minnesota, New York, Ohio, Texas, Utah, Virginia, Wisconsin and Wyoming⁷³⁶ currently perform familial searching. Two jurisdictions, Maryland and the District of Columbia, have passed laws specifically prohibiting	information is databased. CODIS also includes rapid DNA analysis. (E-Avis ISDC 2020-02).	2. For arrestees, if the participating laboratory receives a certified copy of a final court order documenting the charge has been dismissed, resulted in an acquittal, or no charges have been brought within the applicable time period. The same rules apply with respect to the States that will be uploading DNA records, as a condition for access to CODIS. (E-Avis ISDC 2020-02). <u>John Doe indictments :</u> Since the early 1990’s state prosecutors have used indictments against “John		

	• Arrestee • Convicted Offender • Detainee • Forensic Mixture • Forensic Partial • Forensic Unknown • Juvenile • Legal • Multi-allelic Offender. (E-Avis ISDC 2020-02).	suspect may be arrested based solely on such an apparent genetic association. If a suspect is then identified as a result, STR DNA typing must be performed, and the suspect's STR DNA profile must be directly compared to the forensic profile previously uploaded to CODIS. (E-Avis ISDC 2020-02).	Hampshire), and for "DNA identification testing, typing, and analysis (South Carolina)." (E-Avis ISDC 2020-02). (E-Avis ISDC 2020-02).	familial searching. (E-Avis ISDC 2020-02).		Doe," identified by a unique DNA profile only, to toll the statute of limitations, particularly in sexual assault cases. (E-Avis ISDC 2020-02).		

PAYS	LOI ADN	CODANT/NON CODANT	PHENOTYPAGE PORTRAIT-ROBOT GENETIQUE + AGE	RECHERCHES FAMILIALES	ETABLISSEMENT ET ENREGISTREMENT DES PROFILS Y-STR et ADNmt	CONSERVATION ET SUPPRESSION DES PROFILS ADN	PRELEVEMENTS DE MASSE	CARACT. ETHNO-GEOGRAPHIQUES
SUISSE	La Loi sur les profils ADN suisse a été récemment modifiée (entrée en vigueur en 2023). Voir notamment M. Zieger – Forensic DNA phenotyping in Europe how far may it go 2022 mais aussi la Loi sur les profils ADN Suisse.	CODANT autorisé => phénotypage, caractéristiques biogéographiques.	The Swiss law will explicitly allow for the analysis of the three previously named pigmentation traits, age and BGA. In addition, the law will delegate legislative power to the Swiss Federal Council, to add more physical appearance traits, without passing the law through parliament again. However, the revised Swiss DNA Profiles Act explicitly forbids the analysis of 'health-related [...] or personal characteristics such as character,	Art. 2.a. Loi sur les profils ADN Suisse : Afin d'élucider un crime, une recherche en parentèle est lancée dans le système d'information visé à l'art. 10 dans le but de trouver des personnes qui, en raison de la similitude de leur profil d'ADN avec celui du donneur de la trace, pourraient être apparentées à ce dernier.	Art. 11 Loi sur les profils ADN Suisse : Les profils d'ADN du chromosome Y établis en vertu de l'art. 255, al. 3, CPP25 peuvent être saisis dans le système d'information. Art. 17 Loi sur les profils ADN Suisse prévoit l'effacement du profil d'ADN du chromosome Y.	L'Art. 9 de la Loi sur les profils ADN Suisse prévoit les modalités de destruction de l'échantillon ADN. L'art. 16 de la Loi sur les profils ADN Suisse prévoit les différents délais liés à l'effacement des profils d'ADN de personnes. Art. 18 de la Loi sur les profils ADN Suisse prévoit l'effacement des profils d'ADN établis à partir de traces et d'échantillons prélevés sur des personnes décédées.		Autorisé à l'art. 2b. de la Loi sur les profils ADN

			behavior and intelligence’. Therefore, there seems consensus among the states holding explicit legislation on FDP that phenotyping should be restricted to appearance traits with no obvious link to health conditions. (M. Zieger – Forensic DNA phenotyping in Europe how far may it go 2022) <u>Phénotypage:</u> <u>Autorisé à l’art. 2b. de la Loi sur les profils ADN</u> pour les caractéristiques morphologiques apparentes, à savoir : ▶ Couleur des yeux, des cheveux et de la peau					

			▶ origine biogéographique ▶ âge <u>Il est interdit d'analyser</u> des caractéristiques liées à la personnalité, telles que le tempérament, le comportement ou l'intelligence, ou à l'état de santé. En revanche, <u>l'article prévoit la possibilité pour le Conseil fédéral de définir des caractéristiques morphologiques apparentes supplémentaires</u> en fonction des progrès techniques et à cond° que celles- ci soient fiables.					

Allemagne = système intéressant, not. pour les prélèvements de masse possibles, mais problème de la langue pour étudier ce système. Voir ce qu'il est possible de faire.

Canada = le phénotypage n'est pas encadré spécifiquement dans la législation canadienne.

Slovaquie = Voir sur le phénotypage. Législation moins restrictives que d'autres pays qui autorisent expressément le phénotypage (comme Allemagne et Pays-Bas) : Legislation in Slovakia is less restrictive, referring more generally to the prediction of visible traits, albeit enumerating the examples of hair color, eye color and skin color in the law (M. Zieger – Forensic DNA phenotyping in Europe how far may it go 2022).

Vous tenez entre vos mains...

Les résultats d'une réflexion approfondie réalisée par l'INCC et le CRID&P de l'UCLouvain

Au sujet de l'organisation et du fonctionnement des banques de données ADN au service de la vérité judiciaire

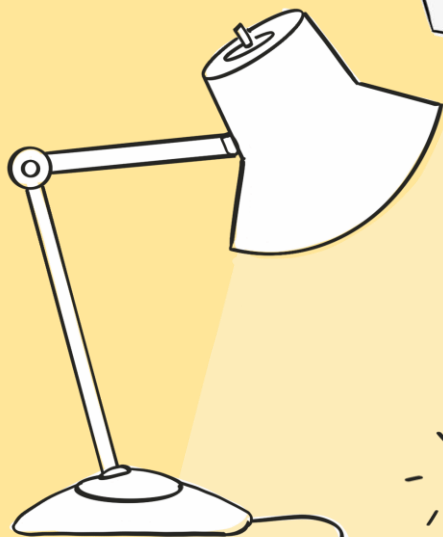
Cette étude se penche plus particulièrement sur trois techniques en plein développement :

- Le phénotypage;
- La recherche familiale;
- Le prélèvement de masse.

Toutes trois élargissent considérablement le périmètre de l'enquête pénale

Objectif

Compléter vos connaissances et nourrir votre réflexion à la lumière des évolutions technologiques, des standards juridiques et des pratiques de terrain, en vue d'une éventuelle réforme des règles encadrant ces techniques.



Pourquoi l'ADN est un sujet capital aujourd'hui?

- L'ADN au cœur des pratiques pénales
- Des nouvelles techniques en constante évolution avec un fort potentiel:
 - Prédire des caractéristiques physiques,
 - Identifier des apparentés,
 - Cartographier des lignées génétiques
- Des techniques intrusives qui mettent les droits humains sous tension
 - Cela pourrait être votre ADN...



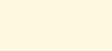
L'objectif ici n'est pas d'épuiser la réflexion mais bien de l'amorcer et de souligner l'importance d'un encadrement juridique éclairé et rigoureux.

Pour celles et ceux qui souhaitent approfondir un aspect particulier, un document de travail complet et détaillé est disponible en soutien de cette présentation



Pourquoi l'ADN est un sujet capital aujourd'hui?

L'aborder de manière sérieuse permet de...

-  Définir des stratégies en matière de politique criminelle
-  Prendre en compte les exigences européennes
-  Éviter que la législation ne devienne trop vite obsolète
-  Veiller à ce que la législation soit en adéquation avec les pratiques de terrain
-  Penser la justice plus largement, au travers de ses principes, de ses ressources et de ses besoins
-  Prévenir des abus et dérives en matière de droits humains

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

Dans le cadre de la recherche, nous analysons les possibilités législatives autour de trois techniques ADN déterminées : le phénotypage, la recherche familiale et le prélèvement de masse.

A titre d'illustration et pour offrir différentes perspectives, les choix effectués en 2024 par le législateur belge sont confrontés à plusieurs scénarios alternatifs.

Tous ces choix législatifs s'articulent autour de 3 volets, déclinés pour chacune des 3 techniques.

Volet matériel

Il s'agit de définir ou non :

- les procédés scientifiques
- le matériel biologique employé,
- le type de criminalité visée
- ...



Volet encadrement

Il s'agit de définir ou non :

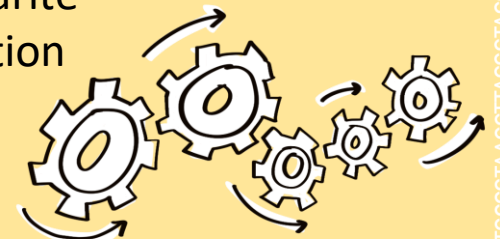
- la technique ADN
- une liste exhaustive ou exemplative
- une liste fixe ou évolutive
- ...



Volet opérationnel

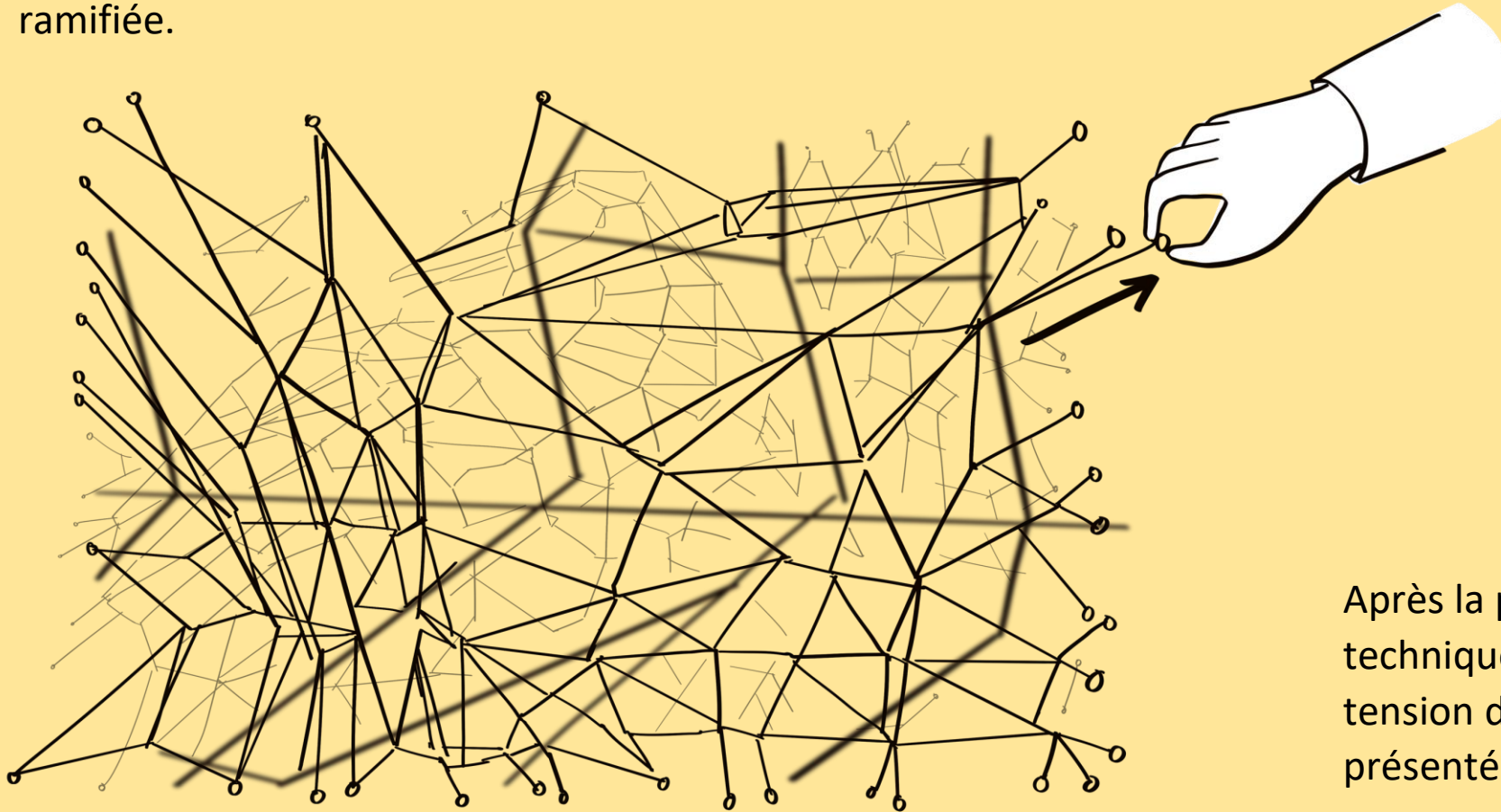
Qui décide ? Comment et avec quels garde-fous ?

- les acteurs
- les organes de contrôle
- la proportionnalité
- la subsidiarité
- la motivation
- ...



Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

Pour chacun des points de ces 3 volets, le législateur pose des choix qui entraînent des conséquences, à l'image de cette structure ramifiée.



Après la présentation de chaque technique ADN, un exercice de mise en tension de plusieurs de ces critères est présenté.

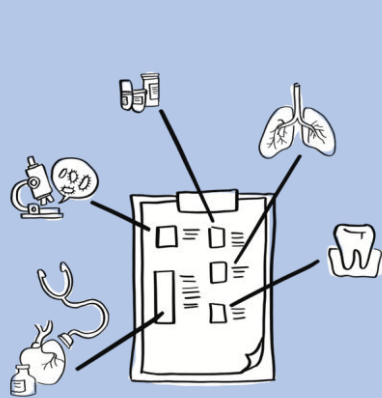
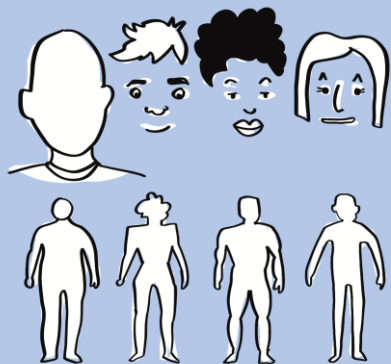
PHÉNOTYPAGE, DE QUOI S'AGIT-IL ?



Il s'agit communément, d'une technique ADN de détermination des traits caractéristiques internes ou externes d'un individu sur base de l'ADN obtenu à partir de traces biologiques ou de corps non identifiés et non reconnaissables.

Une technique aux potentialités multiples...

- ☐ Morphologique
- ☐ Santé
- ☐ Biogéographique
- ☐ ...



... qui peut être utile :

- ☐ En l'absence de témoin oculaire
- ☐ Pour se faire une idée des caractères morphologiques
- ☐ Pour orienter les recherches
- ☐ Pour ouvrir / privilégier / écarter des pistes d'enquête

PHÉNOTYPAGE, RISQUES D'UN USAGE NON ENCADRÉ

☐ Risque d'effet tunnel

- à Se focaliser sur une hypothèse
- à Danger de construire une hypothèse unique autour d'un trait caractéristique du suspect, écartant d'autres pistes
Ex : « cheveux bouclés », couleur de peau

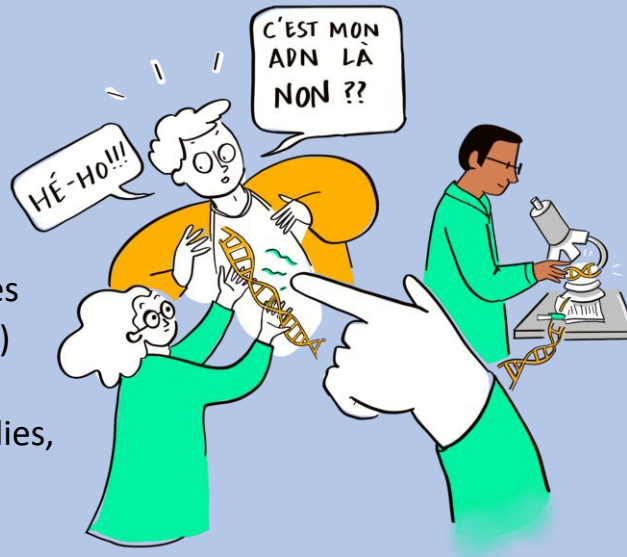


☐ Risque de discrimination

- à Stigmatisation de groupes ethniques (ou autres)...
- à Politique criminelle ciblée...
... emballement du système
... surreprésentation de certains groupes

☐ Vie privée

- à Atteinte individuelle
.... données sensibles
.... découvertes accidentelles
(ex : cancer du sein)
- à Implications familiales...
... traits héréditaires (maladies, troubles)
... à leur insu



☐ Risque de récupération politique

- à Discours biaisé
- à Statistiques non contextualisées
- à Renforcement ciblé de politiques sécuritaires



Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PHÉNOTYPAGE

En Belgique, en 2024 des choix législatifs ont été posés pour encadrer le recours aux techniques ADN, dont le phénotypage. D'autres choix, entraînant d'autres conséquences, auraient pu être posés. Notre objectif est d'ouvrir les yeux sur les possibilités législatives non retenues ou non envisagées, dans le but d'éclairer de potentielles futures réformes.



Consultez le
rapport complet

Débattons-en !



Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PHÉNOTYPAGE

Ce qui suit est une analyse par scénarios. Chaque scénario met en tension deux approches opposées, avec leurs conséquences juridiques, pratiques et sociales. Ensuite, la position actuelle de la Belgique par rapport aux critères en tension est analysée.

Scénario 1.1 : nature liste de données

Liste de données fixe et exhaustive	Liste fixe et évolutive

Conséquences

<i>Sécurité juridique</i> - prévisibilité de la norme - pérennité de la norme	<i>Flexibilité normative (p. ex. via un comité d'experts)</i> - actualité de la norme - adaptabilité aux évolutions technologiques
<i>Construction « sociétale » de la norme</i> - légitimité démocratique de la norme	<i>Construction « techno-scientifique » de la norme</i> - réponse aux attentes & besoins du terrain
<i>Respect des DH</i> - <i>légitimité démocratique & prévisibilité</i> ^[SEP] <i>droits de la défense</i>	<i>Impératif de sécurité et d'efficacité publiques</i> - outil « performant » de production de la vérité judiciaire

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PHÉNOTYPAGE

Scénario 1.1 : nature liste de données

La Belgique

La Belgique a choisi de ne permettre le recours à la technique du phénotypage que pour la production de certaines données physiques, listées de manière fixe et exhaustive. Il n'est pas possible d'en ajouter d'autres sans passer par une réforme législative. A l'inverse, La Suisse a opté pour liste évolutive, en permettant au Conseil fédéral d'étendre la liste des données morphologiques qui peuvent être produites par le recours au phénotypage, à condition toutefois que la fiabilité de ces nouvelles méthodes soit démontrée.

La législation néerlandaise prévoit également une liste évolutive des données exploitées en ce que « *l'enquête ADN ne peut être destinée qu'à la constatation du sexe, de la race, ou d'autres caractéristiques déterminées par un règlement* ».

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

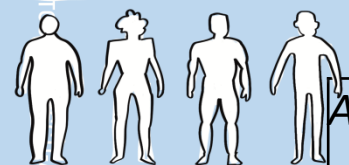
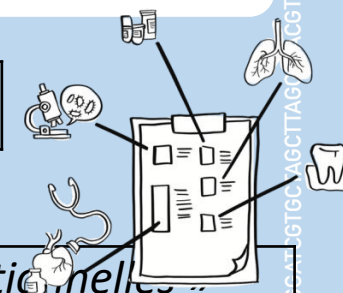
LE CAS DU PHÉNOTYPAGE

Scénario 1.2 : nature des données analysées



Données physiques

Données de santé



Conséquences

Atteintes « individuelles » et « collectives »

- vie privée
- risque de discrimination
- proportionnalité au regard de la qualité de l'information ?

Atteintes « individuelles » et « interrelationnelles »

- vie privée
- risque d'intrusion
- proportionnalité au regard de la nature de l'information ?

Spectre informatif large

- disponibilité de l'information
- information à traiter / mettre en perspective

Haute résolution informative

- information précise et spécifique
- fiabilité de l'information

Acceptation sociale de la technologie

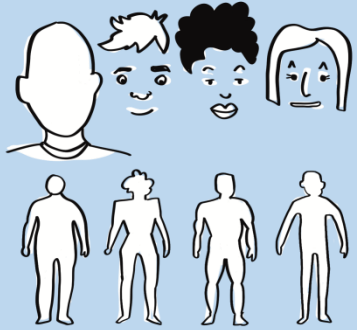
- information *a priori* moins sensible
- intrusion limitée dans la vie privée

Impératif de production de la vérité factuelle

- information *a priori* moins visible
- intrusion chirurgicale dans l'intimité

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

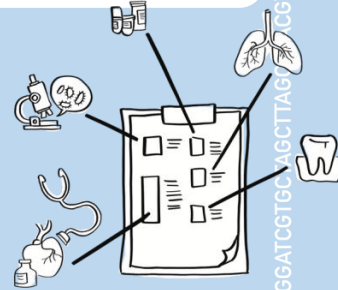
Scénario 1.2 : nature des données analysées



La Belgique

La Belgique a choisi de ne pas autoriser le recours à la technique du phénotypage en vue de produire des données relatives à la santé. Pour ce qui est des données morphologiques, l'exploitation de certaines catégories seulement, listées dans le texte de loi, sont autorisées - à savoir la couleur des cheveux, la couleur des yeux, l'âge ainsi que l'origine biogéographique.

LE CAS DU PHÉNOTYPAGE



Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PHÉNOTYPAGE

Scénario 1.3 : Contrôle de la technique

Contrôle <i>a priori</i> et casuistique	Contrôle <i>a posteriori</i> et abstrait
Conséquences	
<i>Approche au cas par cas</i> - qualité de l'enquête et du procès - droits des parties au litige, fiabilité de la preuve et valeur probatoire - effet actuel & ciblé (« sanction » immédiate)	<i>Analyse globale</i> - qualité du cadre juridique et de sa mise en œuvre - absence d'interférence avec l'enquête et le procès - effet amplificateur & ultérieur (« sanction hypothétique »)
<i>Moyens & ressources</i> - « coût » intégré, supporté par les acteurs du système pénal - « coût » élevé, avec un « retour » direct	<i>Moyens & ressources</i> - dispositif <i>ad hoc</i> (experts, etc.) - contrôle « centralisé » et « exogène » - « coût » faible, avec un « retour » hypothétique

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PHÉNOTYPAGE

Scénario 1.3 : Contrôle de la technique

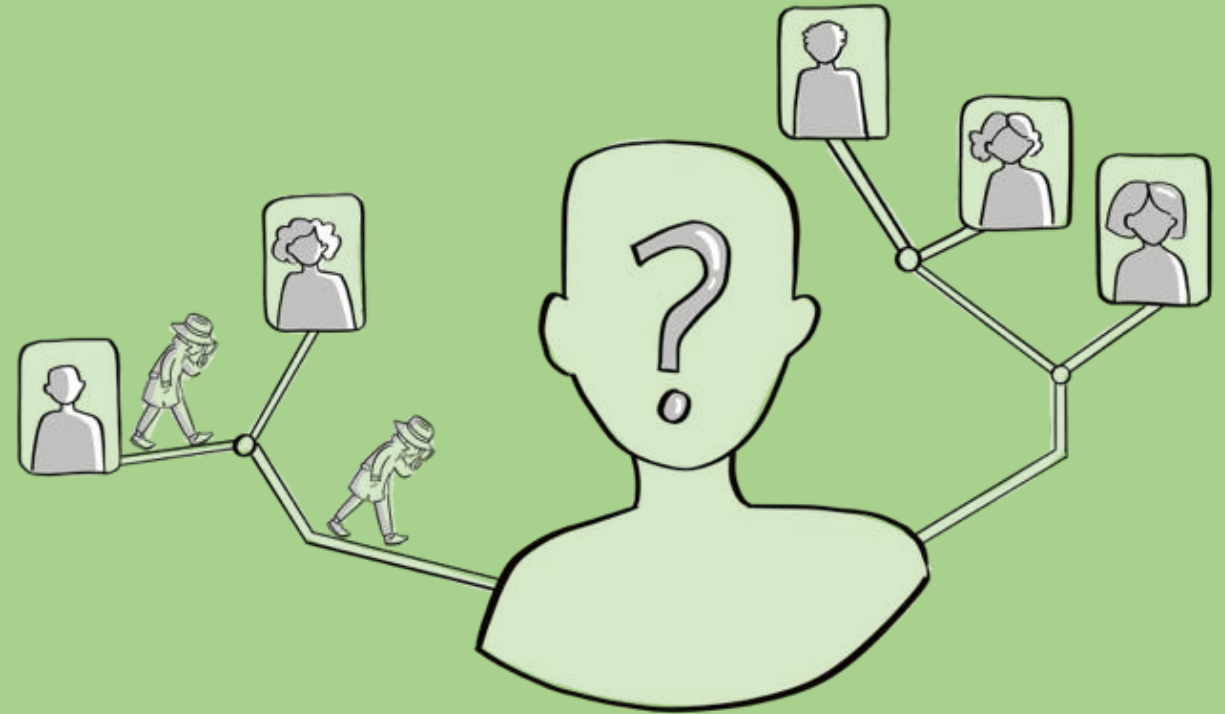
La Belgique

En Belgique, le recours aux technologies ADN en matière pénale sont soumises aux mêmes types de contrôle que pour les autres actes d'enquête. Des contrôles individualisés sont prévus, tant préalablement à l'usage de ces techniques qu'après celui-ci. Le magistrat qui l'ordonne doit le justifier spécifiquement. Dans le cadre d'une instruction, un organe judiciaire spécifique peut exercer un contrôle à la fin de l'enquête. Dans le cadre de l'information, l'organe judiciaire de fond peut exercer ce contrôle. De manière générale, la Belgique choisit de privilégier des procédures de contrôle « casuistique », dont le coût est *in fine* élevé, aux dispositifs d'évaluation globale, certes plus économes mais sans influence sur les affaires en cours – avec des résultats assez aléatoires mais qui peuvent être majeures pour l'ensemble du système pénal.

RECHERCHE FAMILIALE, DE QUOI S'AGIT-IL ?

Il s'agit, communément, d'une technique ADN qui permet la comparaison entre le profil ADN d'une trace de source inconnue et des profils ADN identifiés et enregistrés dans les banques de données, dans le but de mettre à jour une concordance ADN partielle, un lien de parenté, entre la personne à la source de la trace et un ou plusieurs individus identifiés.

- ☐ Axée sur une logique relationnelle, et non individuelle
 - à On ne cherche pas la personne, mais un parent génétique
- ☐ Identification indirecte d'une personne
- ☐ Basée sur 2 techniques : comparaison autosomale et marqueurs de lignée



CGTACGA₂

197

RECHERCHE FAMILIALE, RISQUES D'UN USAGE MAL ENCADRÉ

❑ Risque de discrimination

Ciblage fondé sur un lien de parenté supposé avec une personne fichée...

... Renforcement biais des BD

Biais sexué, ADN Y-STR (hommes) plus efficace que l'ADNmt (hommes et femmes)

❑ Atteintes à la vie privée

à Atteintes liées à la proximité génétique...

... actes d'enquête réalisés sur des personnes

... dont la proximité biologique est peut-être liée au hasard

... à leur insu

à Atteintes pour les personnes enregistrées dans les BD...

... dont l'ADN a été prélevé à d'autres fins

... mais est réutilisé à des fins de RF

à Risques de nouvelles surveillances et enquêtes

❑ Récupération politique

Discours biaisé, désignation de communautés ou familles « criminelles »

Lié aux politiques criminelles ciblées

Qui créent une surreprésentation de ces familles / communautés dans les BD



➤ Ces risques sont décuplés dans l'hypothèse où des banques de données « récréatives » sont également utilisées dans ce type de recherche familiale

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DE LA RECHERCHE FAMILIALE

Ce qui suit est une analyse par scénarios. Chaque scénario met en tension deux approches opposées, avec leurs conséquences juridiques, pratiques et sociales. Ensuite, la position actuelle de la Belgique par rapport aux critères en tension est analysée.

Scénario 2.1 : Conditions d'utilisation

Limiter à certaines infractions

Autoriser sans condition

Conséquences

Sécurité juridique / Balises légales

- cadre structurant pour l'action et le contrôle
- prévisibilité pour les citoyens

Flexibilité normative / Cadre légal « ouvert »

- liberté d'appréciation des acteurs du système pénal
- latitude opérationnelle et élasticité fonctionnelle

Respect des DH

- droits de la défense
- examen *a priori* de la « proportionnalité »

Impératif de sécurité et d'efficacité publiques

- liberté d'action des acteurs du système pénal
- adaptabilité aux évolutions techniques
- adaptabilité aux circonstances factuelles

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DE LA RECHERCHE FAMILIALE

Scénario 2.1 : Conditions d'utilisation

La Belgique

La Belgique a fait le choix de limiter l'utilisation de la recherche dite « familiale » à certains types d'infractions, à savoir celles susceptibles de donner lieu à l'enregistrement du profil ADN de l'auteur dans la banque de données « condamnés » (liste reprenant une cinquantaine d'infractions). La Belgique favorise ainsi une certaine sécurité juridique, notamment en termes de prévisibilité pour le citoyen. Elle limite également le recours à cette technique aux faits considérés *in abstracto* comme étant les plus « graves » par le législateur, veillant de la sorte à limiter le risque de violation des droits humains.

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DE LA RECHERCHE FAMILIALE

Scénario 2.2 : Types d'analyses ADN

ADN autosomal

ADN autosomal ET marqueurs de lignée

Conséquences

Moyens et ressources

- analyse « commune » de l'ADN
- temporalité plus courte

Spectre informatif élargi – 1^{er} niveau

- discrimination et fiabilité limitées
- importants actes d'enquête complémentaires requis

Respect des DH

- dimension « individuelle » de l'ADN
- liste « élargie » de « suspects »

Moyens et ressources

- technique ADN requérant des analyses complémentaires
- technique ADN requérant une expertise spécifique
- temporalité plus longue

Valeur discriminante et force probante

- discrimination et fiabilité élevée
- information en soi exploitable à des fins d'enquête

Respect des DH

- dimension « individuelle » et « interrelationnelle » de l'ADN
- liste « ciblée » de « suspects »

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DE LA RECHERCHE FAMILIALE

Scénario 2.2 : Types d'analyses ADN

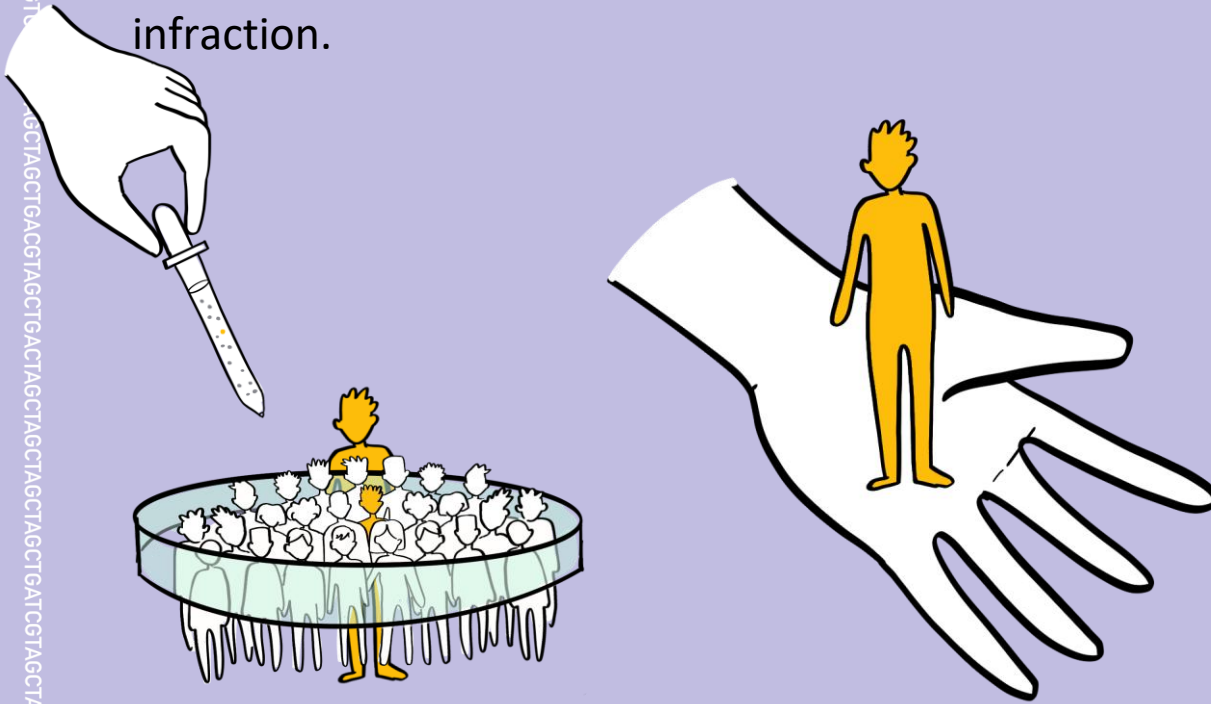
La Belgique

La Belgique a fait le choix d'autoriser la recherche familiale. Celle-ci est organisée en deux étapes, l'une étant subsidiaire à l'autre. D'abord, la recherche familiale est effectuée sur base de l'ADN autosomal. Le magistrat fait réaliser des devoirs d'enquête pour identifier / confirmer / infirmer des liens de parenté entre des traces découvertes et des profils enregistrés. Ensuite, dans la mesure où il l'estime nécessaire pour l'enquête, il ordonne une comparaison des marqueurs de lignée (ADN mitochondrial ou ADN Y-STR), ce qui nécessite en principe de nouvelles analyses ou de nouveaux prélèvements.

Si le système mis en place en Belgique tend clairement à privilégier une approche au cas par cas ainsi que l'analyse précise de l'utilité des mesures d'enquête envisagées, il n'est pas de nature à favoriser la rapidité de l'enquête et du procès, ni à limiter les coûts. Le recours aux marqueurs de lignée dans une seconde étape pose question. Cette solution est de nature à ralentir l'enquête et augmenter les moyens nécessaires à sa réalisation. Par ailleurs, si elle permet d'éviter dans un premier temps des pratiques plus particulièrement attentatoires aux droits humains, c'est au prix de la mise en cause potentielle d'un nombre bien plus grand de personnes.

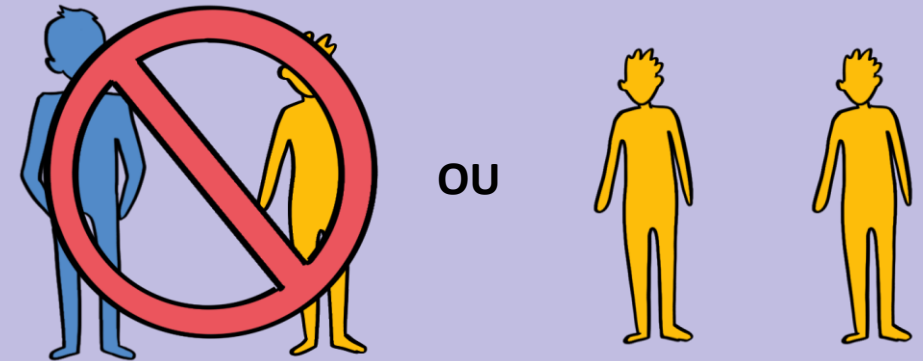
PRÉLÈVEMENT DE MASSE, DE QUOI S'AGIT-IL ?

Il s'agit, communément, de prélèvements ADN réalisés sur un groupe étendu de personnes pour les comparer avec le profil ADN d'une trace inconnue trouvée sur le lieu d'une infraction.



- ☐ Création d'une base de données ad hoc, limitée à l'enquête en cours

- ☐ Vise une identification directe (concordance parfaite)



- ☐ Déjà utilisé en pratique, sans cadre légal spécifique
 - Pas d'encadrement légal (>< rechercher familiale et phénotypage)
 - Proposition de loi (2021) jamais adoptée



PRÉLÈVEMENT DE MASSE, FAISONS LA PEAU AUX IDÉES REÇUES

☐ Ce n'est **pas** toujours **efficace**



à Si l'auteur ne se trouve pas dans le groupe

☐ Ce n'est **pas** rapide



à Charge lourde pour les laboratoires (volume, délais) et coûts élevés (police, labos...)

☐ Ce n'est **pas** neutre

SUSPECT

à Risque de discrimination selon le critère de détermination du groupe prélevé

à La personne qui refuse le prélèvement devient-elle par défaut suspecte?

☐ Ce n'est **pas** anodin

Pensez-y, demain vous pourriez faire partie d'une banque de données ADN

à Un prélèvement ADN est une ingérence dans la vie privée

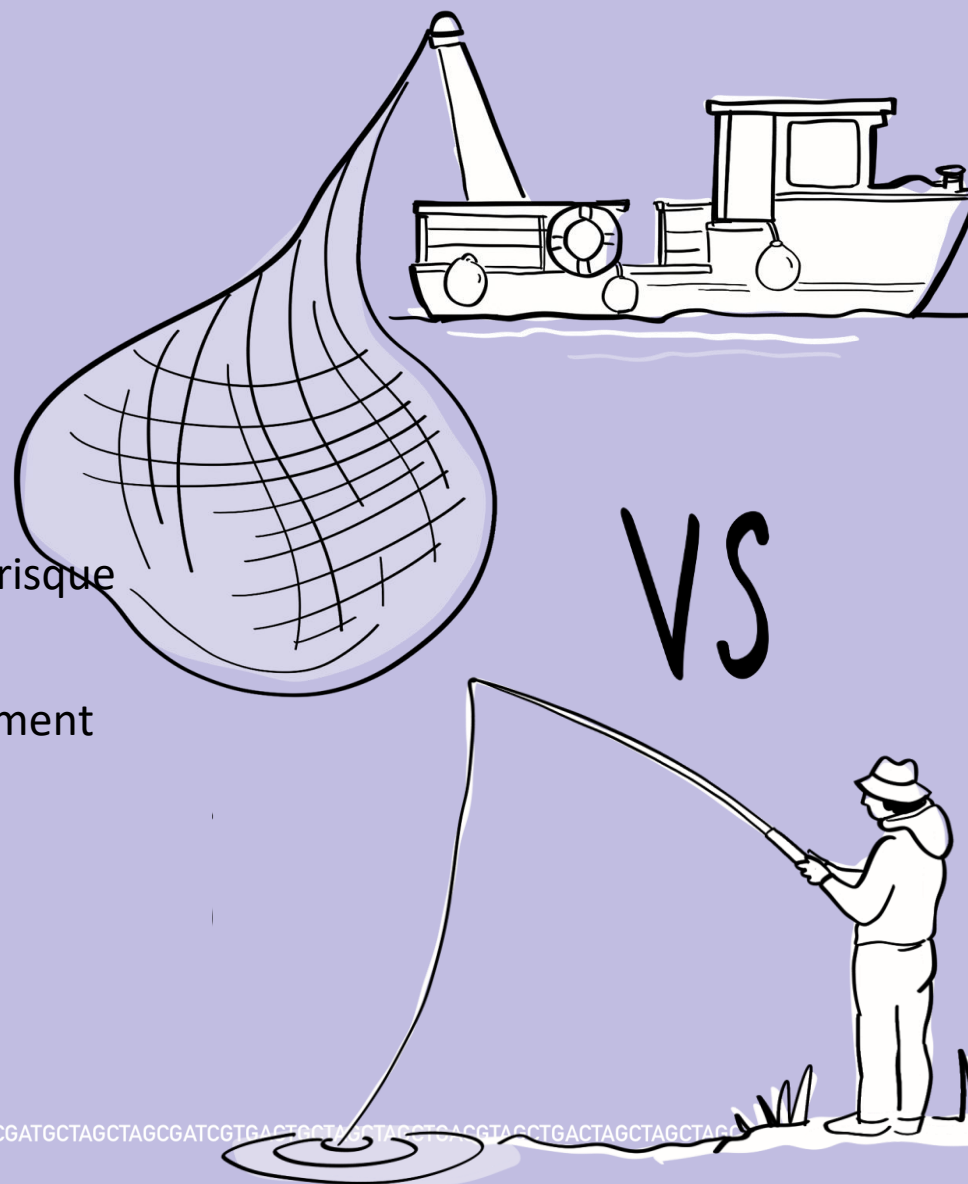
ALORS LE PRÉLÈVEMENT DE MASSE, DANS QUELS CAS L'UTILISER ?

ET À QUELLES CONDITIONS ?

- ☐ Quand de l'ADN exploitable et complet est trouvé ?
- ☐ Quand il n'existe pas de suspect identifié et en l'absence de match dans les bases de données existantes ?
- ☐ Quand le groupe peut être défini par critères objectifs, transparents, proportionnés (ex.: lieu précis, moment déterminé) ?
- ☐ Quand l'infraction est grave ?
- ☐ À condition que :
 - Consentement libre et éclairé et/ou cadre légal clair ?
 - Effacement immédiat des profils non concordants ?
 - Traçabilité et contrôle indépendant ?
 - Mécanisme de contrôle indépendant ?

PRÉLÈVEMENT DE MASSE, RISQUES D'UN USAGE MAL ENCADRÉ

- ☐ Droits humains mis sous tension
- ☐ Effet tunnel
- ☐ Suspicion collective
- ☐ Récupération politique / scientifique
- ☐ Délimitation du groupe : quel critère?
 - Trop large ou inexistant : risque de faux positifs, risque d'arbitraire, de discrimination
 - Trop restreint : risque de ne pas brasser suffisamment large



Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PRÉLÈVEMENT DE MASSE

Scénario 3.1 : Modalité du prélèvement

Autoriser uniquement sur base volontaire

Autoriser sous la contrainte

Conséquences

<i>Respect des DH & acceptabilité sociale</i> - limitation des atteintes aux DH ^[L]_{SEP} refus comme principe d'exclusion ^[L]_{SEP} consentement comme modalité de justification	<i>Impératif de sécurité et d'efficacité publique</i> - mise sous tension de la présomption d'innocence - systématicité de l'analyse ADN
<i>Administration de la justice</i> - différenciation éventuelle sur la base du refus de se soumettre à l'analyse ADN - vecteur de « confiance » envers le système pénal ?	<i>Administration de la justice</i> - maximisation des chances d'identification via la seule 'analyse ADN - vecteur de « méfiance » envers le système pénal ?

Les techniques ADN : Un équilibre délicat, des conséquences en cascade

LE CAS DU PRÉLÈVEMENT DE MASSE

Scénario 3.3 : Délimitation du groupe

Pas de critère de délimitation du groupe

Critère géographique

Conséquences

<i>Latitude opérationnelle</i> - pouvoir discrétionnaire de mise en œuvre - aucune exigence formelle de « piste »	<i>Encadrement opérationnel</i> - prévisibilité et transparence - « vecteur » de proportionnalité
<i>Justification légale et valeur probante</i> - absence de critère de rattachement (prédéfini) - possibilité plus élevée de contestation	<i>Justification et valeur probante</i> - critère de rattachement prédéfini - encadrement « balisé » et « facilité » du contrôle
<i>Moyens et ressources</i> - obligation « générale » de motivation - rapidité et facilité - accès « élargi » et objet « indéterminé »	<i>Moyens et ressources</i> - obligation « spécifique » de motivation - temporalité plus longue - accès « limité » et objet « prédéterminé »

LES TECHNIQUES PARTICULIÈRES ADN, QUAND LES UTILISER ?

ET À QUELLES CONDITIONS ?

❑ Niveau matériel :

- Trace ADN exploitable retrouvée
- Pas de concordance directe dans les banques de données ADN
- Infraction grave

❑ Niveau procédural :

- Autres moyens d'enquête épuisés
- Proportionnel
- Nécessaire
- Justifié

- à Création d'un comité ad hoc qui pourrait justifier l'utilisation de telle ou telle mesure
- à Quel régime pour la nullité ?
- à Finalement, les « DOSSIERS » complexes sont minoritaires (dans la plupart des dossiers, aucune technique ADN employée)

La régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale

Instrument de mise en scénarios

A. – Observations liminaires

001. – Le présent texte est rédigé dans le cadre du projet « For2-BioB ». Financé par Belspo dans le cadre de l'appel à projets « Brain-Be 2.0 – Belgian Research Action Through Interdisciplinary Networks (2018-2023) ». Plus précisément, il constitue la dernière phase du Work package 4, *Identification / determination of biological material useable as a vector of efficiency in the use of DNA databases* (ci-après « WP 4 »).

002. – De manière tout à fait générale, le document vise à exposer au législateur l'ensemble des options qui s'offrent à lui pour réguler la question du recours à la technologie ADN en matière pénale, en soulignant à cette occasion l'ensemble des choix possibles et les incidences de ceux-ci, plus spécialement au niveau de la production de la « vérité judiciaire ». Celle-ci renvoie notamment à un double jeu de considérations que sont le respect des droits humains, d'une part, et la « véracité factuelle », d'autre part – cette dernière désignant l'identification dans un cas particulier de la personne ayant commis un fait qualifié d'infraction.

003. – Ces conclusions s'appuient pour partie sur les résultats déjà obtenus dans cette partie du projet (WP 4), sans pour autant les reprendre de manière exhaustive ou synthétique. Il s'agit notamment des invariants juridiques dégagés à l'occasion de l'analyse du droit de niveau européen – tant au niveau du Conseil de l'Europe que de l'Union européenne. Il s'agit également d'éléments tirés de l'analyse comparative de droits étrangers. Ces éléments de droit positif sont complétés notamment par une analyse des discours et des pratiques de terrain, réalisée sur la base d'entretiens menés à la fois dans le cadre du WP 4 et du WP 5. Enfin, il est tenu compte des modifications apportées par le législateur en 2024 à la loi du 22 mars 1999 *relative à la procédure d'identification par analyse ADN en matière pénale* (ci-après « loi relative à l'ADN »). Cette législation a fait l'objet d'une étude détaillée, publiée dans le *Journal des tribunaux*, par Sarah Hugues, Marie Morandini et Jean-Marc Hausman. Sur ces modifications, il y a lieu de souligner qu'elles ne sont prises en compte avant tout comme éléments de réflexion. Il ne s'agit pas, en effet, de faire ici une analyse de droit positif des règles applicables en droit interne.

004. – De manière générale, l'objectif sous-tendant le présent est double. Il s'agit, tout d'abord, d'offrir au lecteur – que l'on désigne ici par le terme de « législateur » – une cartographie du champ des scénarios possibles pour l'encadrement du recours à la technologie ADN en matière pénale, plus spécialement quant au matériel utilisé, à l'information produite et aux techniques mobilisées. Il s'agit, ensuite, de lui proposer un ensemble d'options, de critères, et d'outils pour lui permettre d'établir, d'évaluer et de comparer plusieurs de ces scénarios, le cas échéant pour retenir l'un d'eux comme canevas d'un dispositif normatif.

Ce document ne constitue donc pas une proposition de réforme du cadre juridique belge ou de tout autre système juridique. Il constitue plutôt un instrument en vue de réfléchir à la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale de manière opérationnelle, et en tenant compte d'un ensemble d'éléments pertinents, juridiques ou autres – droits humains, etc. Dans cette mesure, cette

« mise en scénarios » se veut un instrument qui tendrait vers une certaine « neutralité » – le législateur étant libre de se positionner dans un champ de scénarios possibles.

005. – Le destinataire du présent document est le « législateur », terme que l’on entend de manière particulièrement large. Il s’agit, en premier lieu, des parlementaires qui, en tant que représentants élus de la Nation, adoptent des normes de valeur législative. À ce niveau, l’on soulignera que la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale ne peut pas faire *a priori* l’économie d’un cadre juridique de cette nature. En effet, nombre de pratiques dans ce domaine d’activités, telles que le prélèvement de matériel biologique ou la production d’éléments de preuve en matière pénale, constituent des atteintes plus ou moins importantes aux droits humains.

La notion de législateur couvre également, de manière bien plus large, l’ensemble des acteurs qui, d’une manière ou d’une autre, sont associés au processus législatif. Il s’agit notamment du gouvernement qui, en tant que pouvoir exécutif, peut intervenir dans la production de la norme de valeur législative. En Belgique, il peut notamment déposer à la Chambre des représentants des projets de loi. Il s’agit également de toute une série d’autres acteurs qui sont susceptibles d’intervenir dans ce processus, pas nécessairement de manière formelle. Ce sont des assistants parlementaires, des membres de cabinets ministériels, des experts ou, encore, des acteurs de la société civile ou des groupes de pression.

L’on pourra encore élargir cette notion de législateur pour y inclure des acteurs qui participent à l’élaboration de la régulation en la matière soit au travers d’une fonction d’exécution ou de contrôle, soit même de sa contestation. À titre d’illustration, l’on mentionnera à ce niveau le gouvernement qui prend des normes de valeur réglementaire ou la commission d’évaluation ADN à qui la loi confie certaines missions.

Une dernière considération vient, en revanche, limiter l’acception donnée à la notion de législateur. Ce dernier ne s’entend que dans un cadre étatique, plus spécialement celui de la Belgique. Celle-ci a notamment pour caractéristique d’être liée par un ensemble d’instruments internationaux, qui limitent ses marges de manœuvre au niveau de la régulation du recours à l’ADN en matière pénale. C’est à ce niveau que viennent notamment se greffer les travaux et réflexions portant sur les « invariants juridiques ».

006. – Concernant sa structure, le document est découpé en six parties. Après quelques considérations très générales concernant le recours à la technologie ADN en matière pénale, trois techniques sont exposées ainsi que leurs limites : le phénotypage, la recherche familiale et le prélèvement de masse. Elles servent à nourrir la réflexion et à illustrer le propos (A.). La suite est consacrée aux « invariants juridiques » au départ desquels le champ des scénarios possibles est déterminé (B.). Les droits humains reçoivent une attention plus particulière à ce niveau. La question de la régulation elle-même est alors développée, et ce, en trois temps. Après une réflexion générale sur les coûts et risques liés à ce type d’entreprise (C.), l’on développe de manière systématique les choix que le législateur est amené à opérer dans ce cadre (D.). Quatre volets sont distingués à ce stade – « scientifique », « factuel », « encadrement » et « opérationnel ». Sont alors identifiés et explicités quelque douze axes vectoriels d’étalonnage, qui doivent permettre au législateur d’évaluer et de comparer des scénarios de régulation par rapport à des « points de décision » particuliers (E). Pour terminer, est présenté, de manière critique et réflexive, un ensemble de considérations sur les difficultés rencontrées dans la conceptualisation du présent instrument de mise en scénarios et dans sa réalisation, ainsi que ses potentialités et ses limites (F).

007. – Par ailleurs, le présent document est doublé d’un second, qui l’introduit. Il s’agit d’un support de visualisation, commenté oralement. Il vise à donner au législateur un ensemble de clés de

compréhension, qui lui facilitent l'accès au présent document et en montrent concrètement la plus-value pour la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale. Articulé en deux temps, ce support rappelle d'abord le contexte général et les enjeux liés au recours à la technologie ADN en matière pénale, puis il présente les trois techniques retenues selon un canevas commun. Celui-ci vise notamment, pour chacune d'entre elles, à en souligner les spécificités, prendre distance par rapport aux préjugés existants à leur égard, souligner certains coûts et risques liés à leur usage ainsi que montrer quelques-uns des choix à opérer par le législateur et leurs incidences respectives – ce qui constitue des ébauches de scénarios.

008. – L'agencement de ces documents (le support de visualisation et la mise en scénarios) ainsi que leur trame respective sont le résultat d'un exercice de réflexion collective, mené par l'ensemble des partenaires du projet. Ce travail a été réalisé en étroite collaboration avec Judith Du Faux, qui intervient comme consultante dans le cadre du projet. Bioingénieure de formation, elle est active comme Visual Project Manager et Graphic Facilitator.

A. – Les techniques ADN : Catalyseurs pour penser la régulation

009. – Penser la régulation d'un champ d'activités caractérisé par le recours à une technologie déterminée implique *a priori* de prendre en compte le potentiel de celle-ci. Il s'agit des limites « intrinsèques » à l'ensemble des techniques qui font l'objet de l'entreprise de régulation – par opposition aux « invariants juridiques » qui en constituent les limites « externes ».

Tant le terme « potentiel » que celui de « techniques » sont entendus ici de manière stricte, pour ne pas dire restrictive. Ainsi, il n'est tenu compte, à ce niveau, que des possibilités offertes par les scientifiques forensiques actuellement ou dans un futur proche. Par ailleurs, ne sont pas prises en considération les limites qui ont trait, non pas tellement aux techniques elles-mêmes, mais davantage aux acteurs qui y recourent ou au contexte de leur utilisation. Par exemple, il n'est pas question d'exclure à ce stade certaines méthodes au motif qu'au vu des budgets, leur usage ne répondrait pas à une utilisation optimale des deniers publics ou que certains acteurs de terrain ne disposeraient pas de l'expertise requise pour y recourir de manière efficiente.

010. – L'ADN occupe une place importante dans les dispositifs de production de la vérité judiciaire en matière pénale. Fréquemment investi, dans la conscience collective, d'une valeur explicative forte – souvent exprimée à travers des métaphores telles que celles du « code » ou du « programme », il est communément perçu comme un outil d'identification fiable et peut constituer un moyen efficace de l'enquête pénale.

Sur le plan scientifique notamment, l'ADN recouvre toutefois des fonctions et des niveaux d'analyse distincts, qu'il s'agisse de la singularisation de l'individu, de l'identification de groupes biologiquement apparentés ou de données relevant de l'espèce humaine. Dans le champ pénal, son usage dépend étroitement des techniques mobilisées et des cadres normatifs qui en organisent l'exploitation, ce qui invite à l'appréhender non comme une vérité en soi, mais comme un objet construit, dont la portée et les effets résultent de choix scientifiques, juridiques et sociétaux.

011. – Par-delà ces considérations générales, le travail de réflexion est plus spécialement construit au départ d'un nombre limité de techniques que sont le phénotypage, la recherche familiale et le prélèvement de masse. Celles-ci sont mobilisées comme autant de « catalyseurs » pour penser la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale. En effet, elles permettent *a priori* de

soulever les questions les plus sensibles au niveau juridique, politique et sociétal politique, qui se posent dans ce domaine d'activités.

Ainsi, ces techniques – ou l'une ou l'autre d'entre elles – permettent notamment de s'interroger sur :

- * la distinction traditionnellement opérée entre l'ADN non-codant et l'ADN codant, ainsi que l'exploitation de ce dernier ;
- * la détermination chez l'individu, au départ de l'ADN non-codant ou de l'ADN codant, de traits dits « biogéographiques » ;
- * le recours à la technologie ADN à des fins, non pas d'identification des personnes, mais d'orientation de l'enquête pénale ;
- * le caractère « sexué » du matériel biologique utilisé et de l'information produite, ainsi que des techniques et des logiques d'exploitation de ces éléments ;
- * le caractère « généalogique » du matériel biologique utilisé et de l'information produite, ainsi que son exploitation pour procéder à l'identification des membres d'un même groupe biologique ;
- * le lien – ou son absence – entre l'enquête pénale et les personnes dont l'ADN est exploité dans ce cadre.

A.1. - Le phénotypage

012. – Le phénotypage consiste à inférer, à partir de l'analyse de l'ADN, certaines caractéristiques – physiques ou autres – de l'individu concerné. Il est souvent utilisé pour produire des informations susceptibles d'orienter l'enquête pénale lorsque, dans le cadre de celle-ci, l'on découvre des traces biologiques « inconnues » – c'est-à-dire dont on ignore l'identité de la personne qui en est la source. Ces informations sont de diverses natures. Elles peuvent notamment avoir trait à l'apparence physique de l'individu concerné, comme la couleur des yeux, des cheveux ou de la peau, l'origine biogéographique ou même certains traits morphologiques. Elles peuvent également porter sur d'autres éléments tels que des traits de personnalité ou, encore, l'état de santé. Ces informations peuvent notamment permettre de restreindre le « champ » des suspects ou de définir une « population cible ». Dans cette mesure, il peut être recouru au phénotypage de manière complémentaire à d'autres techniques, le cas échéant également axées sur l'exploitation de l'ADN – par exemple pour orienter une recherche familiale ou définir le groupe des individus visés par un prélèvement de masse.

013 – Sur le plan scientifique, les informations produites par le phénotypage ne permettent toutefois pas une identification directe de l'individu qui est la source de la trace. Une première limite tient au caractère partiellement discriminant des données obtenues. Les caractéristiques déterminables par le biais de cette technique ne portent que sur un nombre restreint de traits, communs à de nombreux individus. Deux personnes peuvent ainsi partager un ensemble de caractéristiques phénotypiques similaires, indépendamment de tout éventuel lien de parenté biologique – ce qui limite fortement la capacité individualisante de la méthode.

Une seconde limite réside dans le degré de précision relatif des résultats. Les prédictions issues du phénotypage sont formulées en termes probabilistes et présentent des marges d'erreur variables selon les caractéristiques analysées. Si certaines informations — comme la couleur des yeux ou des cheveux — atteignent des niveaux de fiabilité relativement élevés, d'autres, telles que la forme du

visage, la taille ou l'âge, demeurent marquées par une incertitude significative. Ces éléments réduisent la portée probante des résultats et limitent leur utilisation à un rôle indiciaire dans le cadre de l'enquête pénale.

Une troisième limite tient au caractère évolutif de la technologie elle-même. Les capacités « descriptives » du phénotypage dépendent étroitement de l'état des connaissances scientifiques, de la disponibilité des bases de données génétiques et du développement des outils bio-informatiques. Le phénotypage ne permet pas actuellement d'établir un « portrait-robot » de la personne concernée, mais les progrès scientifiques en la matière laissent entrevoir une extension progressive du champ des informations accessibles et une amélioration de leur fiabilité.

014. – L'efficacité du phénotypage doit enfin être appréciée à l'aune de sa complémentarité avec d'autres méthodes d'exploitation de l'ADN. Son utilité dépend largement du contexte factuel et scientifique de l'enquête pénale. Dans certaines affaires complexes ou anciennes, la combinaison de plusieurs techniques — recherche familiale, prélèvement de masse, analyses comparatives approfondies — a déjà permis de pallier les limites propres à chacune d'entre elles. L'identification tardive de l'auteur de la disparition du jeune Nicky Verstappen, rendue possible par des techniques faisant défaut au moment des faits, illustre le caractère évolutif et complémentaire des méthodes d'analyse de l'ADN.

A.2. - La recherche familiale

015. – La recherche familiale est une technique d'exploitation de l'ADN qui vise à établir un lien de parenté potentiel entre, d'une part, l'individu à la source d'une trace biologique « inconnue » et, d'autre part, une ou plusieurs personnes dont le profil ADN est déjà établi – et, le cas échéant, enregistré dans une banque de données ADN.

Contrairement à l'identification directe par concordance parfaite, la recherche familiale ne permet pas d'identifier de manière immédiate et certaine la personne qui est la source de la trace biologique inconnue. Lorsqu'elle est basée sur des marqueurs autosomaux, elle permet la mise en évidence de similitudes génétiques partielles, révélant l'existence possible d'un lien de parenté biologique plus ou moins proche entre les deux personnes à la source des profils ADN soumis à l'analyse. Plus le degré de concordance observé est élevé, plus le lien de parenté potentiel est susceptible d'être étroit. En complément de la comparaison autosomale, l'analyse des marqueurs de lignée — ADN Y-STR pour la lignée paternelle et ADN mitochondrial pour la lignée maternelle — permet de déterminer l'appartenance ou non de plusieurs individus à une même lignée familiale.

Les informations produites par la recherche familiale relèvent ainsi principalement d'un axe relationnel. Elles permettent d'identifier des personnes potentiellement liées biologiquement à l'auteur de la trace biologique d'origine, sans pour autant conduire, à elles seules, à l'identification précise de ce dernier. La recherche familiale constitue dès lors un outil d'orientation de l'enquête, qui doit être articulé avec d'autres techniques d'investigation ou dont les résultats doivent être croisés avec d'autres informations (géographiques, sociales, généalogiques, téléphoniques, etc.), afin de restreindre progressivement le champ des personnes susceptibles d'être la source de la trace biologique inconnue.

016. – Cette technique comporte toutefois plusieurs limites intrinsèques qui en restreignent l'usage et l'interprétation. Une première limite tient à son degré de fiabilité relative. La recherche familiale est susceptible de faire apparaître un nombre important de concordances partielles positives, parfois de

l'ordre de plusieurs dizaines, voire centaines, selon la configuration des banques de données utilisées. Ces concordances doivent ensuite faire l'objet d'un travail de vérification et de tri, la comparaison ADN ne suffisant pas toujours à établir de manière certaine l'existence d'un lien de parenté. L'évaluation du lien mis en évidence nécessite alors la prise en compte de critères complémentaires, tels que l'âge des personnes concernées, leur zone de résidence ou encore des éléments de généalogie.

Une seconde limite est étroitement liée aux caractéristiques des banques de données dans lesquelles la recherche familiale est effectuée. Plus ces bases sont alimentées et contiennent un grand nombre de profils ADN, plus le risque d'obtenir des concordances génétiques dues au hasard — des « faux positifs » — est élevé. À l'inverse, lorsque les banques de données sont peu ou mal alimentées, la probabilité de mettre en évidence un lien de parenté pertinent se trouve fortement réduite. L'efficacité de la recherche familiale dépend ainsi étroitement de la taille, de la composition et du degré de représentativité des banques de données ADN mobilisées.

A.3. - Le prélèvement de masse

017. – Le prélèvement de masse consiste à prélever et analyser l'ADN des membres d'un groupe plus ou moins étendu de personnes afin de comparer leur profil ADN génétique avec celui d'une trace biologique « inconnue » – *a priori* découverte sur une scène d'infraction. En général, le recours à cette technique repose sur l'hypothèse que l'auteur des faits figure potentiellement parmi les individus soumis au prélèvement, ce qui justifie le recours à un échantillonnage large, généralement délimité sur la base de critères géographiques, sociaux ou comportementaux.

À la différence de la recherche familiale ou du phénotypage, le prélèvement de masse poursuit, en principe, un objectif d'identification directe. En général, le résultat attendu est une concordance complète entre le profil ADN issu de la trace et l'un des profils prélevés. Les informations produites relèvent ainsi exclusivement de l'axe identitaire : soit une correspondance totale est établie et permet d'identifier la personne à la source de la trace, soit aucun résultat concluant n'est obtenu. Lorsque le profil ADN de l'auteur n'est pas enregistré dans les banques de données ADN existantes, le prélèvement de masse permet de constituer, à l'échelle d'une enquête pénale déterminée, une base de comparaison *ad hoc*, dans l'espoir de faire émerger une concordance.

018. – Cette technique présente toutefois plusieurs limites techniques importantes qui conditionnent son efficacité et en restreignent la portée. Une première limite tient à la qualité et à l'exploitabilité de la trace ADN retrouvée sur la scène de l'infraction. Pour que le prélèvement de masse produise un résultat exploitable, il est nécessaire que le profil ADN issu de la trace soit suffisamment complet, clair et robuste pour permettre une comparaison fiable. Une trace partielle, dégradée ou contaminée est susceptible de générer des correspondances ambiguës ou erronées, voire de rendre impossible toute identification. Par ailleurs, le pouvoir discriminant de l'analyse varie selon les marqueurs utilisés — STR autosomiques, Y-STR ou ADN mitochondrial — ce qui peut affecter la solidité scientifique du résultat obtenu.

Une seconde limite est liée à la taille et à la composition du groupe ciblé. Un groupe trop restreint, mal défini ou insuffisamment pertinent peut conduire à un échec de la technique si l'auteur des faits n'y figure pas. L'efficacité du prélèvement de masse repose ainsi sur un équilibre technique délicat entre un ciblage suffisamment large pour inclure l'auteur potentiel et suffisamment précis pour éviter les éventuels prélèvements inutiles.

À ces limites s'ajoutent des contraintes opérationnelles liées au volume des prélèvements et des analyses à réaliser. Le prélèvement de masse implique, par définition, un nombre important d'échantillons de référence et de comparaisons ADN, ce qui peut ralentir significativement l'obtention des résultats, notamment lorsque les capacités de traitement des laboratoires sont limitées ou déjà fortement sollicitées.

A.4. - Les techniques ADN comme outils d'enquête protéiformes

019 – L'examen du phénotypage, de la recherche familiale et du prélèvement de masse met en évidence que ces techniques, bien qu'inscrites dans un même champ technologique, répondent à des logiques scientifiques et opérationnelles distinctes. Elles produisent des types d'informations hétérogènes, présentant des degrés de fiabilité et des capacités discriminantes variables. Elles s'inscrivent également dans des logiques différentes, allant de l'orientation de l'enquête pénale à l'identification directe de l'auteur d'une infraction.

Ces techniques présentent toutes des limites intrinsèques qui tiennent tant à la nature du matériel biologique exploité qu'aux méthodes scientifiques mises en œuvre. Aucune d'entre elles ne permet, à elle seule et dans toutes les hypothèses, de garantir la production d'une vérité factuelle certaine. Leur efficacité dépend étroitement de la qualité des traces disponibles, de la robustesse des analyses réalisées, de l'état des connaissances scientifiques, ainsi que de leur articulation avec d'autres techniques d'exploitation de l'ADN et avec des éléments d'enquête non génétiques.

Dans cette perspective, le recours à la technologie ADN ne peut être appréhendé comme un ensemble homogène de pratiques, mais bien comme un champ traversé par des tensions structurantes : entre identification et investigation, entre certitude et probabilité, entre information relationnelle, morphologique ou strictement identitaire. Ces tensions ne relèvent pas uniquement de considérations techniques ou scientifiques, mais constituent autant de points d'entrée pour la réflexion juridique et politique.

Les techniques analysées remplissent ainsi une fonction de « catalyseurs » : elles permettent de rendre visibles les enjeux centraux qui se posent au législateur lorsqu'il envisage d'encadrer le recours à la technologie ADN en matière pénale. Elles invitent à interroger, de manière systématique, les choix relatifs au type de matériel biologique exploité, à la nature des informations produites, aux techniques mobilisées et aux usages qui en sont faits dans le cadre de l'enquête et du procès pénal.

B. – Les « invariants juridiques » : Balises externes et internes du champ des scénarios

B.1. - Les « invariants juridiques » comme limites externes de la régulation

021. – Pour toute entreprise de régulation, le champ d'action du législateur est limité, notamment par des contraintes juridiques plus ou moins importantes – sauf à postuler dans son chef une souveraineté de caractère absolu.

Constituant autant de limites « externes » à l'espace de la régulation, ces « invariants juridiques » tiennent à la question du respect de la hiérarchie des règles juridiques, mais pas seulement. Ils recouvrent plus largement l'ensemble des éléments normatifs qui ne relèvent pas de la compétence de l'auteur de la règle ou par rapport auxquels celui-ci ne dispose *de facto* d'aucune réelle marge de manœuvre ou presque. C'est notamment le cas de certains instruments internationaux dont le législateur ne peut faire abstraction en pratique, pour des considérations autres que juridiques.

Cet ensemble d'invariants juridiques permet de cerner le champ des scénarios de régulation possibles en tenant compte pragmatiquement de certaines « réalités » normatives. Ce champ se présente ainsi comme l'ensemble des possibilités qui s'offrent au législateur, sachant que celles-ci prennent place d'un « espace » défini à la fois par ces limites externes, mais également par celles intrinsèques aux techniques – déjà explicitées.

Par comparaison avec ces limites intrinsèques, les invariants juridiques se caractérisent avant tout par l'espace et par le mode de leur production. Ces principes et règles n'acquièrent ce statut qu'au travers des dispositifs établis à cet effet par les ordres juridiques où ils sont reconnus comme tels. Le plus souvent, à tout le moins dans les sociétés occidentales contemporaines, ils sont le résultat de la mise en œuvre d'un ensemble de procédures caractérisées par un degré de formalisme élevé – le processus législatif en constituant un exemple parmi d'autres. Aussi, les modes d'organisation et de fonctionnement des systèmes juridiques ont pour incidence une limitation du nombre d'acteurs capables de produire des principes et des règles, ainsi que leur identification aisée. Ces traits ne se trouvent pas ou, à tout le moins, de manière bien moins marquée au niveau des limites intrinsèques.

022. – Pour ce qui est de la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale, cette approche en termes d'« invariants juridiques » conduit à distinguer deux grands corpus d'instruments normatifs.

Le premier rassemble des dispositifs juridiques dont l'objet spécifique est l'échange interétatique d'informations en matière pénale, dont les données ADN. Il est constitué pour l'essentiel du cadre dit « Prüm » – ce qui comprend le règlement éponyme, « Prüm II », adopté le 13 mars 2024. Ce corpus comprend essentiellement des règles relativement précises ou techniques, qui viennent se greffer sur le dispositif mis en place au niveau de l'État lui-même. Dans cette mesure, il se révèle peu contraignant pour le législateur lorsque celui-ci règle au niveau interne la question du recours à la technologie ADN en matière pénale. Il n'y a donc pas lieu d'en tenir compte, outre mesure, au niveau de la détermination du champ des scénarios de régulation possibles ou du choix de l'un d'entre eux pour régler les pratiques en la matière.

Quant au deuxième grand corpus, il regroupe une série d'instruments normatifs (et la jurisprudence qui leur est éventuellement associée) qui ont comme tel pour objet de consacrer un ensemble de garanties en termes de droits fondamentaux – soit de manière générique, soit par rapport à un champ de pratiques déterminées, par exemple celui du traitement des données à caractère personnel. À ce niveau, sont distingués deux ensembles normatifs majeurs : d'une part, ceux issus du Conseil de l'Europe, au premier rang desquels figurent la Convention européenne des droits de l'homme et la jurisprudence de la Cour européenne des droits de l'homme ; d'autre part, ceux émanant de l'Union européenne, tels que le règlement 2016/679 (dit « RGPD ») et la directive 2016/680, ainsi que l'interprétation qu'en donne la Cour de justice de l'Union européenne.

Ceci étant, deux considérations conduisent à les envisager de manière indistincte dans une entreprise de régulation d'un champ de pratiques déterminé. La première est liée au mouvement d'« intégration normative » qui, en matière de droits humains, caractérise ces ordres juridiques que sont le Conseil d'État et l'Union européenne. L'on précisera à cet égard qu'au niveau interne, les différents cours suprêmes tiennent largement compte des instruments normatifs de niveau international ainsi que de la jurisprudence qui leur est éventuellement associée. La seconde considération tient à la « nature » des droits humains. Ceux-ci n'ont pas, sauf dans de rares hypothèses, de caractère absolu et, par rapport à des questions particulières, se trouvent souvent en conflit – ou dans une situation de mise en tension. Cette circonstance a notamment pour incidence qu'il est difficile, voire impossible, de distinguer nettement les limites qu'ils imposent en termes de régulation. Elle rend *de facto*

particulièrement complexe l'exercice qui consiste à déterminer le champ des scénarios de régulation possibles. Il n'en reste pas moins que ces droits humains forment autant de balises dont il y a lieu de tenir compte lorsqu'un scénario de régulation déterminé est envisagé – au moins pour en identifier les risques et les faiblesses au niveau des droits humains.

B.2. - Trois droits humains comme points focaux de la régulation

023. – Cet ensemble de considérations conduit à épingler, plus spécialement par rapport aux trois techniques retenues pour le présent exercice, les droits humains mis sous tension par la question du recours à la technologie ADN en matière pénale. Il s'agit plus particulièrement du droit à l'intégrité physique, du droit au respect de la vie privée et familiale ainsi que du principe d'égalité et de non-discrimination. L'on doit souligner à ce niveau que le recours à la technologie ADN met sous tension ces droits humains à toutes les étapes de son exploitation en matière pénale – certes de manière variable. Il en va ainsi tant au niveau du prélèvement du matériel biologique, de l'établissement et du traitement des profils ADN, de leur enregistrement dans les banques de données ADN, de leur comparaison ultérieure avec d'autres profils ADN ou, encore, de leur transmission à des autorités étrangères. Aussi, les risques de violation existent tant au niveau de l'enquête pénale que lors du procès pénal ou après celui-ci, mais également en dehors de ce contexte d'ensemble. Cela peut être le cas, par exemple, à l'occasion d'enquêtes pénales impliquant des personnes tierces ou, plus largement encore, au niveau de la politique criminelle ou même du discours médiatique ou des représentations sociales.

024. – L'on rappellera utilement que des atteintes peuvent être portées de manière justifiée à ces droits humains, moyennant le respect de certaines conditions. Ainsi, pour ce qui est du droit à la vie privée et familiale, l'ingérence doit être à la fois prévue par la loi et nécessaire dans une société démocratique. Elle doit également correspondre à un besoin social impérieux tel que la sûreté publique, la prévention des infractions pénales ou, encore, la protection des droits et libertés d'autrui. On exigera enfin qu'au regard de l'objectif légitime poursuivi, cette ingérence soit proportionnée.

025. – Chacun des droits humains épinglés – le droit à l'intégrité physique, le droit au respect de la vie privée et familiale ainsi que le principe d'égalité et de non-discrimination – est mis sous tension par les trois techniques retenues pour le présent exercice, et ce de manière diverse. Les développements qui suivent font état, sans aucune prétention à l'exhaustivité, de certaines de ces situations. Ils ont pour objectif d'alimenter la réflexion du législateur, plus spécialement pour ce qui est du recours aux techniques que sont le phénotypage, la recherche familiale et le prélèvement de masse.

1. Droit à l'intégrité physique

026. – Le droit à l'intégrité physique et psychique, notamment reconnu comme un droit fondamental par l'article 3 de la Convention européenne des droits de l'homme, protège toute personne contre des atteintes corporelles extérieures, même lorsque celles-ci sont bénignes. Ceci étant, la Cour européenne des droits de l'homme admet notamment que des prélèvements puissent être réalisés sous la contrainte, au moins dans certaines circonstances. Elle considère entre autres que si de tels actes ne provoquent pas de souffrance grave ou durable, ils n'atteignent pas en principe le seuil minimal de gravité requis pour constituer une violation de la disposition précitée.

*** Un premier prélèvement ADN réalisé sur un individu suspect ou condamné peut être réutilisé, bien des années plus tard, dans le cadre d'une affaire pénale étrangère à la procédure initiale. Son profil ADN enregistré dans une banque de données ADN devient ainsi un levier d'investigation dans d'autres enquêtes pénales, sans qu'il ne soit procédé à un nouveau prélèvement ou que le principal intéressé n'en*

ait forcément connaissance. Dans le cadre d'une recherche familiale, cette utilisation secondaire du profil ADN permettra, sur la base de correspondances au niveau génétique, d'orienter l'enquête pénale vers des tiers qui sont biologiquement apparentés à cet individu, mais qui étaient totalement étrangers à la procédure initiale. Ainsi, le prélèvement justifié pour l'identification de l'individu suspect ou condamné devient, par effet de cascade, un vecteur d'intrusion indirecte dans la sphère privée et familiale de personnes n'ayant jamais été elles-mêmes soumises à un prélèvement, et sans que celles-ci n'aient jamais été informées de la possibilité de les identifier indirectement au départ du profil ADN ainsi établi. De telles pratiques soulèvent des questions fondamentales en termes de respect de l'intégrité physique « élargie », du droit au contrôle sur son identité génétique et d'utilisation secondaire du matériel prélevé sur autrui. Elles contribuent également à brouiller les frontières traditionnellement nettes entre les personnes effectivement concernées par une procédure et les autres – et ce pour la seule raison qu'existent entre elles un lien de parenté biologique.

*** Dans le cadre du prélèvement de masse, des personnes pour lesquelles il n'existe aucun lien concret avec une enquête pénale en cours pourraient, pour autant que la réglementation le permette, être invitées à consentir à un prélèvement au motif qu'elles résident dans une zone géographique déterminée ou font partie d'un groupe d'individus donné. Si un prélèvement reste un acte médical banal, il n'en constitue pas moins une atteinte à l'intégrité physique de personnes qui ne sont pas formellement suspectées. Ces gens voient leur corps exploité à des fins d'enquête pénale sans qu'il n'y ait a priori de motif de les mettre en cause, ni souvent de consentement effectivement éclairé et libre – un refus pouvant notamment faire l'objet d'une forme de réprobation sociale ou être vu comme un élément de nature à justifier de plus amples investigations. Ce type de pratiques pourrait contribuer à brouiller les frontières entre des enquêtes pénales supposées être ciblées et des formes de coopération, contrainte jusqu'à un certain point, à des pratiques de contrôle collectif.*

2. Droit au respect de la vie privée et familiale

027. – Le droit à la vie privée et familiale est un droit fondamental garanti, entre autres, par l'article 8 de la Convention européenne des droits de l'homme. Ce droit protège toute personne contre les ingérences arbitraires ou disproportionnées de l'État ou d'autres acteurs dans sa vie privée, sa vie familiale, son domicile et sa correspondance. Les informations génétiques, de même que le matériel biologique dans la mesure où il est utilisé pour les produire, relèvent du droit au respect de la vie privée et familiale, car elles constituent des données personnelles particulièrement sensibles. Pour être justifiée, une ingérence dans la jouissance de ce droit doit répondre aux conditions cumulatives suivantes, déjà formulées ci-avant : être prévue par la loi (i) et nécessaire dans une société démocratique (ii) ; répondre à un besoin social impérieux tel que la prévention des infractions pénales (iii) ; respecter le principe de proportionnalité entre l'objectif poursuivi et les moyens employés (iv).

*** Le recours à la recherche familiale, qui mobilise des profils ADN enregistrés dans les banques de données ADN pour identifier non pas directement l'individu suspecté d'avoir commis une infraction, mais des personnes qui lui sont biologiquement apparentées, constitue une ingérence particulièrement intrusive dans la vie privée et familiale. En effet, elle a pour conséquence que, dans le cadre de l'investigation pénale, se trouvent impliquées des personnes qui n'ont a priori aucun lien direct avec la commission de l'infraction elle-même. C'est d'autant plus le cas que celles-ci ne consentent pas à proprement parler à cette utilisation de leurs profils ADN, ni même n'en sont informées. L'on peut sincèrement douter, par ailleurs, que la seule circonstance que ces derniers soient déjà enregistrés dans une banque de données ADN suffise, en toute hypothèse, à justifier une telle ingérence dans leur vie privée et familiale.*

*** Le prélèvement de masse soulève des inquiétudes majeures quant au respect du droit à la vie privée et familiale, en ce qu'il implique la collecte d'échantillons biologiques auprès d'un nombre potentiellement important de personnes, qui bien souvent ne sont pas suspectes. Bien que de tels prélèvements soient a priori volontaires, la pression sociale ou institutionnelle exercée dans un cadre collectif peut affecter négativement la capacité à consentir librement. Même dans l'hypothèse où leur*

profil ADN n'est pas conservé dans une banque de données ADN, le seul fait d'être sollicité, d'être fiché temporairement et de voir son profil ADN comparé à une ou plusieurs traces liées à la commission d'une infraction peut être vu comme une forme d'ingérence. Il s'agit là d'une intrusion dans la sphère privée et familiale car cette série d'opérations repose in fine sur l'exploitation d'une information biologique unique, communément associée à l'identité intime de l'intéressé. On ne peut pas exclure, plus spécialement en l'absence de cadre juridique adapté, une banalisation de ce type de devoirs d'enquête, ni même un glissement progressif vers des logiques de surveillance préventive.

*** Le recours au phénotypage est également susceptible de mettre sous tension le droit au respect de la vie privée et familiale. En exploitant le profil ADN d'une trace inconnue afin d'en inférer certaines caractéristiques de la personne à l'origine de celle-ci, cette technique conduit à révéler des données personnelles sensibles sans que l'intéressé n'en ait connaissance ni ne puisse en contrôler l'usage.*

En révélant des traits visibles ou des origines biogéographiques, le phénotypage réduit l'anonymat du groupe de personnes susceptibles de correspondre au profil recherché, même en l'absence d'identification nominative, et peut conduire à assimiler une fraction de la population à un groupe de « personnes suspectes ». Lorsque les informations révélées concernent des données de nature médicale ou héréditaire, l'ingérence s'étend en outre à la sphère privée et familiale des proches biologiques, qui se trouvent indirectement affectés par l'exploitation de l'ADN.

3. Principe d'égalité et de non-discrimination

028. – L'interdiction de discrimination constitue un principe juridique fondamental, notamment garanti par l'article 14 de la Convention européenne des droits de l'homme – à lire en combinaison avec d'autres dispositions. Constitue notamment une violation du principe d'égalité et de non-discrimination toute différenciation de traitement entre des personnes placées dans des situations comparables, sauf si cette distinction repose sur une justification à la fois objective et raisonnable, et respecte une certaine proportionnalité entre le but poursuivi et les moyens utilisés.

029. – La question des différences de traitement revêt une importance toute particulière en ce qui concerne le recours à la technologie ADN en matière pénale. Elle l'est d'autant plus que l'élément génétique, tel qu'il est mobilisé par le système pénal, est susceptible de constituer un vecteur de différenciation (et d'appariement) entre individus ou groupes sur le plan strictement biologique, mais également aux niveaux social et sexué. À cet égard, l'on soulignera que ces trois logiques (biologique, sociale et sexué) peuvent se coupler les unes avec les autres, pour *in fine* renforcer des phénomènes de différenciation au sein de la population, entre des individus ou des groupes. L'on ne perdra pas davantage de vue que de telles logiques peuvent s'observer au niveau du système pénal, sans pour autant être appréhendées au niveau du discours juridique comme constituant autant de violations du principe d'égalité et de non-discrimination.

3.1. Logique généalogique – de la famille à la biogéographie

030. – De manière générale, l'élément génétique présente cette caractéristique, sur le plan biologique, d'être à la fois strictement individuel (ou presque), partagé par les membres d'un groupe généalogiquement apparenté et commun à l'ensemble de l'espèce. Le premier de ces traits permet d'affirmer dans beaucoup de cas, avec une quasi-certitude absolue, que deux profils ADN sont ceux d'une seule et même personne, ou pas. C'est sur cette spécificité que s'appuient les techniques d'identification ADN qui sont axées sur une correspondance complète de profils ADN autosomaux. Quant au deuxième de ces traits, il permet d'établir (ou d'exclure) une parenté biologique entre plusieurs personnes. L'on le mobilise par exemple lorsqu'il est recouru aux marqueurs de lignée tels que les Y-STR ou l'ADN mitochondrial. L'on peut également tirer de telles conclusions de certaines inférences statistiques réalisées à partir de correspondances partielles entre des profils ADN autosomaux.

*** La recherche familiale peut conduire à cibler, dans le cadre de l'enquête pénale, des individus uniquement en raison de leur lien biologique avec d'autres personnes dont les profils ADN sont déjà enregistrés dans des banques de données ADN. Ces individus deviennent ainsi des « personnes d'intérêt » pour les acteurs de la justice pénale sans nécessairement avoir déjà eux-mêmes été soupçonnés ou impliqués dans des affaires pénales. Cette logique porte intrinsèquement le risque de transformer certains liens biologiques (au niveau de la famille ou plus largement) en facteur d'exposition aux investigations en matière pénale. Dans cette mesure, elle est susceptible de contribuer à la création d'une forme de « présomption » de risque accru de passage à l'acte, basée sur la parenté biologique – en raison du fichage de l'un des membres du groupe.*

3.2. Logique sociale

031. – Si la technologie ADN en matière pénale se base en premier lieu sur des différences (ou des similitudes) d'ordre biologique, ces éléments peuvent se trouver combinés avec d'autres, pour distinguer des groupes plus ou moins étendus socialement. L'on peut pointer, sans être exhaustif, différents éléments à ce niveau. Ainsi, il peut y avoir une certaine superposition, plus ou moins forte, entre les liens biologiques et les rapports sociaux. C'est le cas, plus que régulièrement, au sein des familles. Par ailleurs, certaines spécificités d'ordre biologique sont, dans certains contextes, plus discriminantes pour des groupes ou populations déterminés. Il peut en être ainsi pour ce qui est de certaines informations de nature biogéographique. L'on attire l'attention, enfin, sur les logiques ou pratiques de ciblage qui s'observent au niveau notamment des autorités publiques et qui concernent plus spécialement certains groupes ou populations. Le recours à la technologie ADN à ce niveau se trouve parfois marqué par ces logiques ou pratiques, ou vient renforcer celles-ci.

*** Ainsi, les recherches familiales peuvent accentuer des biais déjà présents dans les banques de données ADN. Celles-ci sont notamment le reflet des logiques et pratiques policières et judiciaires passées et actuelles, plus ou moins marquées par une approche différenciée de certains individus ou groupes. Aux États-Unis, ce sont principalement les populations noires et hispaniques qui se trouvent ainsi davantage exposées au système pénal et à ses logiques. En Europe, on observe surtout des disparités sociales, touchant davantage les jeunes hommes issus de quartiers populaires. Ces groupes ou populations dont les membres sont déjà davantage susceptibles d'être fichés, encourrent corrélativement un plus grand risque d'être ciblés par de nouvelles recherches familiales, ce qui peut induire ou entretenir un effet « boule de neige ». Cette situation peut conduire à la mise en place ou au renforcement de logiques de « surcontrôle » au niveau du système pénal ainsi qu'à l'alimentation de préjugés visant certains groupes sociaux.*

*** Le recours au prélèvement de masse concerne des groupes de personnes plus ou moins larges, ciblés en raison de critères géographiques, sociaux ou, encore, professionnels. En l'absence d'une approche individualisée notamment, cette manière de procéder peut soulever des questions particulièrement sensibles en matière de différence de traitement – voire de discrimination. Elle peut, entre autres, induire un sentiment de suspicion collective, notamment lorsqu'elle vise une communauté de taille restreinte ou dont les membres sont clairement identifiables. À cet égard, le choix du critère pour délimiter le groupe concerné est déterminant. Qu'il s'agisse d'un lieu (quartier, école, etc.), d'une profession ou d'un autre facteur contextuel, le critère peut contribuer à caractériser certains groupes comme étant « à risque » ou à induire dans le chef des autorités publiques des pratiques différenciées à leur égard. Des logiques de stigmatisation peuvent apparaître, tant au sein du groupe lui-même qu'à l'encontre de l'ensemble de ses membres. Ces effets peuvent être d'autant plus marqués et préjudiciables lorsqu'ils affectent des groupes déjà marginalisés ou exposés au risque pénal plus important.*

*** Le recours au phénotypage est également susceptible d'alimenter ces logiques sociales de différenciation, en particulier lorsque les inférences produites portent sur des caractéristiques biogéographiques fortement discriminantes. En permettant de distinguer des individus ou des groupes sur la base de traits phénotypiques perçues comme saillantes, cette technique peut contribuer à réduire*

le cercle des suspects à certaines fractions de la population, indépendamment de tout comportement individuel. Même en l'absence d'identification nominative, le phénotypage est ainsi de nature à transformer des caractéristiques biologiques en marqueurs sociaux de suspicion, susceptibles d'orienter les pratiques d'enquête pénale vers des groupes, le cas échéant déjà exposés à des formes de ciblage différencié. Dans cette mesure, il peut renforcer, voire légitimer a posteriori, des logiques de sélection policière ou judiciaire fondées sur des catégories sociales ou culturelles préexistantes, avec un risque accru de stigmatisation et de discrimination indirecte.

3.3. Logique sexuée

032. – Le recours à la technologie ADN en matière pénale peut également conduire à des différenciations entre personnes ou groupes, qui sont basées sur le sexe (génétique) – ce qui peut constituer une violation du principe d'égalité ou de non-discrimination ou, plus largement, des différences de traitement qui, à tout le moins, posent question au niveau social et sur le plan politique. Si ces différenciations ont une base biologique, elles résultent avant tout du recours (ou non) à des techniques exploitant ces spécificités. C'est notamment le cas des marqueurs de lignée. Ainsi, les marqueurs Y-STR sont liés au chromosome Y, qui se transmet à l'identique ou presque d'une génération à l'autre, exclusivement dans le chef des individus de sexe masculin. Quant aux marqueurs mitochondriaux, ils ont trait à l'ADN mitochondrial qui se transmet à l'identique ou presque à tous les individus, que ceux-ci soient masculins ou féminins, mais cette fois via la mère. La différenciation sur la base du sexe tient également à des facteurs autres que biologiques ou techniques. Elle peut notamment résulter de choix de politique criminelle ou de nature juridique. Ainsi, en Belgique, pour certaines infractions, il y a, indépendamment des besoins de l'enquête pénale, l'obligation d'établir des profils Y-STR et de les enregistrer – ce qui peut en partie se justifier au regard de la nature de certaines infractions et des moyens à disposition pour les prévenir et les réprimer.

*** Ainsi, un recours plus systématique aux marqueurs de lignée liés au chromosome Y introduit un biais sexué puisque, notamment, ils ciblent uniquement les hommes en cas de recherche familiale. Les différences sexuelles se doublent ici d'un recours asymétrique aux techniques qui les exploitent et aux règles qui les encadrent. En résulte une exposition clairement différente au risque pénal, qui est basée – à la fois directement et indirectement – sur le sexe.*

*** Dans un contexte d'utilisation élargie du prélèvement de masse, des campagnes de prélèvements se focalisant plus spécialement sur certains groupes ou leurs membres (communauté déterminée, population géographiquement localisée, groupe socio-économique donné) pourraient être envisagées pour « voir » si des correspondances ADN apparaissent avec des affaires pénales passées, non élucidées. Cette logique inversée ferait basculer la technique du terrain judiciaire vers une logique de fichage préventif à grande échelle, reposant non sur des soupçons individuels, mais sur un ensemble de représentations sociales ou politiques.*

C. - Les risques et coûts inhérents aux scénarios

033. – Si le recours à la technologie ADN constitue, dans bon nombre d'affaires, une voie efficace pour faire avancer ou aboutir l'enquête pénale, il représente des coûts et comporte des risques qu'il convient d'évaluer à leur juste mesure. Ces différents éléments doivent également être pris en compte par le législateur lorsqu'il procède à la régulation de ce domaine d'activités.

034. – Les coûts et risques sont entendus ici de manière très large, sans pour autant viser la question budgétaire – ce dernier point étant pris en compte au niveau des axes vectoriels d'étalonnage. Ils désignent l'ensemble des effets négatifs que le recours à la technologie ADN implique, à tout le moins

potentiellement. Ils couvrent donc également des conséquences dont l'actualisation est incertaine dans un ensemble de cas déterminé. La présentation de ces coûts et risques n'est pas exhaustive, loin s'en faut. L'attention porte plus spécialement sur ceux qui, réels ou simplement probables, sont de nature à impacter sévèrement des individus déterminés, des groupes donnés, le système pénal ou, encore, la société dans son ensemble. C'est aussi, au travers de ces coûts et risques, la question de la démocratie et de l'État de droit qui se pose.

035. – De manière quelque peu discrétionnaire, on distingue ces coûts et risques suivant leur nature ou, plus exactement, le niveau auquel ils se produisent – soit celui de la société (C.1), soit celui de l'enquête pénale (C.2). Dans un cas comme dans l'autre, ces coûts et risques sont illustrés au départ des trois thématiques retenues : le phénotypage, la recherche familiale et le prélèvement de masse.

C.1. - Les risques de nature sociale

036. – Le recours à la technologie ADN en matière pénale représente au niveau de la société des risques plus ou moins importants. Trois sont épinglés ici – en plus de la mise sous tension des droits humains, déjà largement évoquée. Les deux premiers risques tiennent à la possibilité de récupération – politique et scientifique – des informations et connaissances produites par l'exploitation de l'ADN dans le cadre du système pénal. Recoupant partiellement ces deux risques, le troisième concerne le traitement des données à caractère personnel.

037. – La neutralisation ou, à tout le moins, la limitation ou la gestion des risques évoqués ci-avant implique un « coût sociétal ». Celui-ci se traduit par des « investissements » à concéder pour encadrer effectivement le recours à la technologie ADN en matière pénale. Ils se manifestent notamment par l'adaptation du cadre normatif, qui doit prévoir des garanties suffisantes au vu des objectifs poursuivis. La mise en œuvre de ces dispositifs et le contrôle de leur respect représentent aussi des coûts, souvent bien plus importants. Ils n'en restent pas moins nécessaires pour conserver ou renforcer la confiance du citoyen dans le système de la justice pénale et, plus largement, dans l'État de droit. Ceci étant, l'on doit bien admettre qu'en pratique, dans une certaine mesure, ces investissements ne seront pas souvent réalisés.

1. La récupération politique

038. – La récupération politique désigne ici les processus par lesquels un dispositif opérationnel, en l'espèce développé aux fins de l'enquête pénale et du procès pénal, se trouve détourné de son objectif premier, pour être mobilisé comme ressource dans une logique de nature politique au sens large. Il peut notamment s'agir d'une utilisation à des fins électorales, d'une mise à l'agenda politique ou sociétal de certaines questions, par exemple de nature sécuritaire, d'une construction ou d'une diffusion de certains narratifs sur des groupes d'individus ou des collectifs ou, encore, d'une entreprise de légitimation ou de promotion de formes particulières d'organisation ou de fonctionnement de l'État ou de la société.

Ces processus peuvent notamment avoir, à terme, des incidences plus ou moins importantes sur la manière de concevoir le « vivre-ensemble » au sein de la société et de ses composantes – le système pénal en constituant l'une d'elles.

*** Un des risques majeurs associés à la recherche familiale réside dans sa possible instrumentalisation à des fins politiques. Les résultats produits, et notamment les correspondances génétiques partielles, peuvent être interprétés de manière biaisée, surtout quand les banques de données ADN sont elles-mêmes marquées par des inégalités structurelles. Entre autres, certaines populations (hommes seuls,*

personnes racisées, membres de groupes marginalisés, etc.) s'y trouvent surreprésentées parce que leurs membres sont plus fréquemment ciblés par les contrôles et enquêtes de police, et condamnés par la justice pénale. Par un effet de circularité, ces individus sont alors plus susceptibles, par comparaison avec d'autres personnes, de « matcher » avec les traces ADN découvertes sur une scène de crime. Aussi, présentés comme des « faits objectifs » sur la base de données statistiques, ces biais pourraient être instrumentalisés dans des discours politiques sécuritaires, identitaires ou stigmatisants, favorisant des représentations erronées autour de certaines formes de « criminalité familiale », « communautaire » ou même « héréditaire ». Parallèlement, ces mêmes éléments pourraient contribuer à renforcer des biais déjà présents dans l'activité policière, ou alimenter des stéréotypes, des logiques de contrôle ciblé et de suspicion généralisée à l'égard de certaines populations, souvent déjà marginalisées.

**** Le prélèvement de masse n'échappe pas non plus au risque de récupération politique.** Dans certains contextes fortement médiatisés ou émotionnellement chargés, le recours à ce type de méthodes d'investigation peut répondre à une logique de démonstration d'autorité, plutôt qu'aux besoins de l'enquête pénale elle-même. Organiser des opérations de prélèvement dans des quartiers ciblés ou auprès de groupes sociaux spécifiques pourrait ainsi être l'occasion de médiatiser une posture sécuritaire, destinée à rassurer l'opinion publique ou à afficher la fermeté d'un exécutif. Dans ce type de circonstances, le prélèvement de masse est davantage un instrument de communication politique qu'un outil d'enquête pénale.

**** Un autre type de récupération politique pourrait consister à organiser des opérations de prélèvement de masse dans des dossiers pénaux alors que ceux-ci ne contiennent aucune trace ADN exploitable, et ce, afin de tenter d'élucider d'autres affaires – passées, voire à venir.** Cette pratique reviendrait à exercer une forme de « pression génétique » sur des populations déterminées, en inversant la logique de l'enquête pénale : l'individu devient suspect non pas en raison d'indices précis, mais du seul fait de son appartenance à un groupe jugé à risque. Mobilisée à des fins de contrôle, ce type d'utilisation du prélèvement de masse pourrait s'inscrire dans des politiques de surveillance ciblée, voire stigmatisante, détournant les sciences forensiques de leurs finalités initiales, le cas échéant au service d'agendas électoraux ou idéologiques.

**** De plus, selon la manière dont est défini le groupe cible du prélèvement de masse (profession, origine, lieu d'habitation, etc.), cette technique peut contribuer à alimenter des représentations stigmatisantes ou à renforcer des préjugés préexistants à leur encontre.** Dans cette mesure, elle peut avoir un effet de désignation sociale ou culturelle, laissant entendre qu'un « profil type » de suspect est recherché. Cette logique peut notamment s'ancrer dans des discours politiques identitaires, où certaines catégories de population sont étiquetées comme problématiques ou suspectes.

**** Concernant le phénotypage, il existe un réel risque d'instrumentalisation à des fins politiques de données statistiques élaborées au départ des résultats produits en recourant à cette technique.** En effet, elles pourraient notamment conduire à l'élaboration de catégories ou de « profils types » de suspects fondés sur des caractéristiques morphologiques. Présentées comme le reflet d'observations scientifiques, ces catégories risquent de servir de support à des hypothèses policières reposant sur des traits héréditaires ou biogéographiques, plutôt que sur des indices de nature individuelle, liés aux faits soumis à investigation. Un tel glissement méthodologique est susceptible de renforcer des stéréotypes associant certaines apparences physiques ou origines à la criminalité, contribuant ainsi à des formes de stigmatisation ou de discrimination systémique. Ce risque est accru lorsque ces données sont reprises dans des discours politiques ou médiatiques à visée sécuritaire ou identitaire, susceptibles de naturaliser des phénomènes sociaux complexes en leur conférant une apparente assise biologique.

2. La récupération scientifique

039. – Le recours à la technologie ADN en matière pénale peut donner lieu à des formes de « récupération scientifique ». L'on comprend ce phénomène comme étant l'exploitation du dispositif mis en place dans le cadre de la justice pénale à des fins de recherche scientifique. Cet usage des

ressources produites, collectées ou traitées dans le cadre de l'enquête pénale et du procès pénal, dans des logiques et des dispositifs de production de connaissances, d'innovation technologique ou de valorisation scientifique est susceptible, dans certaines hypothèses, de poser question.

*** Par exemple, la recherche familiale produit des données génétiques particulièrement sensibles, non seulement relatives aux individus concernés par des affaires pénales, mais aussi portant sur leurs proches, qui bien souvent ne sont pas directement visés par les investigations. Ces données, notamment parce qu'elles révèlent des liens de parenté, peuvent présenter un intérêt scientifique certain – notamment dans les domaines de la génétique des populations, de l'évolution des marqueurs de lignée, des corrélations sociologiques ou comportementales. Le risque de récupération scientifique se situe notamment au niveau de la possibilité d'utiliser ces données produites dans le cadre pénal à d'autres fins, par exemple en vue de produire de nouvelles connaissances, de valider des algorithmes en développement, d'affiner des banques de données de fréquences alléliques. En l'absence de garde-fous, ces utilisations secondaires pourraient s'avérer problématiques. C'est d'autant plus le cas qu'a priori, les personnes directement concernées n'en sont pas réellement informées, ni n'y ont vraiment consenti. Le risque est plus grand encore lorsque les finalités de ces traitements de données ne sont pas clairement définies ou que les conditions et autres modalités de collaboration scientifique avec des tiers sont particulièrement larges ou imprécises. En Belgique, la réglementation encadre pour partie ce type de pratiques. En effet, le législateur autorise expressément l'utilisation à des fins scientifiques des données enregistrées dans les banques ADN en matière pénale, ainsi que les résultats de comparaison génétique, pour valider de nouvelles méthodes d'analyse, à condition que ces utilisations respectent les règles de l'art et que les échantillons biologiques restent disponibles pour la procédure pénale ou pour des recherches liées à l'identification de personnes disparues ou décédées. La disposition juridique en question ne définit pas, par ailleurs, le cadre dans lequel ces recherches scientifiques peuvent être réalisées, ni l'usage secondaire de ces données génétiques. Ce flou peut donner lieu à des pratiques difficiles à tracer, où les intérêts scientifiques ou économiques prennent une place significative, parfois au détriment de la lisibilité ou de l'effectivité des garanties prévues pour les citoyens.*

3. Les risques liés à la collecte et au traitement des données

040. – Les données à caractère personnel revêtent une sensibilité particulière en matière pénale, et leur collecte et traitement représentent des risques majeurs en matière de protection de la vie privée et familiale. Ceux-ci sont d'autant plus importants qu'il s'agit de données génétiques – en raison, entre autres, de la place particulière occupée par l'ADN dans la conscience collective et de son caractère à la fois personnel et collectif. La circonstance que la technologie ADN en matière pénale repose, pour partie, sur l'accumulation de profils ADN au sein des banques de données ADN renforce encore ces risques.

*** Le recours à la technique de la recherche familiale soulève des enjeux particulièrement sensibles en matière de protection des données à caractère personnel. En effet, elle repose essentiellement sur l'analyse de données génétiques en tant que celles-ci concernent, non seulement la personne à la source de la trace inconnue et dont l'identité est recherchée, mais surtout des individus qui lui sont biologiquement apparentés – ceux-ci n'étant en général impliqués d'aucune façon dans l'affaire pénale en question. Accessoirement, le recours à la technique de la recherche familiale peut mettre à jour des liens de filiation jusqu'alors ignorés par les personnes concernées.*

*** De manière similaire, l'organisation de prélèvements de masse soulève également des questions en termes de protection des données à caractère personnel. Bien que les personnes concernées ne soient généralement pas suspectées formellement, leur profil ADN est établi et comparé à d'autres, le cas échéant à ceux déjà repris dans des banques de données ADN. Le risque existe également que ces données soient conservées de manière illégitime, exploitées à d'autres fins ou détournées dans un cadre plus large de surveillance ou de profilage. Par ailleurs, l'on peut s'interroger sur le consentement éventuellement formulé dans le cadre de ce type d'opérations, notamment sur ses caractères*

effectivement informé et libre. Cette question revêt une dimension particulière notamment lorsqu'il existe une forte pression sociale ou médiatique à ce que les personnes invitées à se soumettre à un tel prélèvement y donnent une suite positive.

C.2. - Les risques liés à l'enquête pénale et à son efficacité

041. – Si le recours à la technologie ADN vise à la production d'une vérité factuelle et judiciaire, il n'est pas exempt de tout risque au niveau de l'enquête pénale – que ce soit au niveau de la décision d'en faire usage ou non, de la production de l'information ou, encore, de l'exploitation des résultats obtenus. Deux d'entre eux font l'objet d'une attention plus particulière – à savoir l'« effet tunnel », d'une part, et un usage inadéquat des techniques ADN ou leur sous-utilisation, d'autre part.

042. – *A priori*, ce type de risques peut être substantiellement réduit en développant l'expertise des acteurs de terrain concernés et en assurant une bonne coordination de leurs activités respectives. Ceci étant, le renforcement des compétences et le développement des bonnes pratiques en la matière supposent à la fois des ressources et des moyens – notamment en termes de temps d'activité et de formation.

1. L'effet dit « tunnel »

043. – L'effet « tunnel » désigne un phénomène cognitif par lequel l'enquêteur focalise son attention sur une piste déterminée, au détriment des autres, créant de la sorte un biais plus ou moins important dans la conduite de l'investigation.

*** Dans le cadre de la recherche familiale, ce risque d'effet « tunnel » prend une dimension particulière. Les correspondances n'étant possibles qu'avec des individus dont le profil ADN est déjà enregistré dans une banque de données ADN, les recherches se trouvent davantage orientées vers des familles ou des groupes dont les membres sont déjà connus du système pénal. Cette situation est de nature à produire un éventuel effet « boule de neige », et à conduire de la sorte à une surreprésentation de ces personnes tant au niveau de l'enquête pénale que du procès pénal. Par ailleurs, ces différents éléments peuvent notamment conduire les personnes en charge de l'enquête pénale à focaliser leur attention sur des familles, des communautés ou des groupes particuliers, qu'elles considéreraient comme davantage « déviants » ou plus « à risque ». Une telle dynamique de ciblage peut se traduire par un sous-investissement dans d'autres pistes qui, le cas échéant, constituent la voie à suivre pour identifier l'auteur de comportements infractionnels.*

*** Dans le cadre du prélèvement de masse, un effet « tunnel » peut se produire au départ de l'hypothèse, questionnée ou non par les enquêteurs, que l'auteur de l'infraction appartiendrait nécessairement à un groupe déterminé, à savoir celui faisant l'objet de la mesure d'investigation. La sélection a priori d'un périmètre de prélèvement (que ce soit un quartier, un établissement scolaire, une entreprise ou tout autre ensemble de personnes) peut ainsi conduire à focaliser les moyens et ressources de l'enquête pénale sur les seuls membres du groupe en question, en écartant d'emblée d'autres pistes mettant en cause des individus qui lui sont extérieurs. En d'autres termes, le ciblage collectif peut enfermer l'investigation dans une logique d'exclusion des hypothèses alternatives, nourrissant un effet « tunnel » au niveau même d'une population. L'on pourrait alors assister, sans remise en cause de la stratégie, à une forme d'enquête pénale qui absorbe des moyens et ressources de manière disproportionnée, sans permettre l'identification de l'auteur et, le cas échéant, en favorisant des logiques de suspicion généralisée à l'égard des membres du groupe cible.*

*** À la différence des deux techniques précédentes, où l'effet « tunnel » tient respectivement, en premier lieu, du contenu des banques de données ADN et du cadrage initial de l'enquête pénale, le phénotypage peut faire l'objet d'un biais similaire au niveau de l'interprétation même des informations disponibles. En l'absence de garde-fous suffisants, cette technique est susceptible de renforcer des préjugés existants*

en légitimant notamment l'idée que certaines caractéristiques physiques ou biogéographiques renverraient à des populations plus « à risque ». Une telle lecture peut orienter de manière disproportionnée l'attention des enquêteurs vers certains groupes, au détriment d'autres pistes, et nourrir un effet de focalisation comparable à celui observé dans le cadre des prélèvements de masse. Ce biais peut être accentué par des dynamiques systémiques : par exemple, les groupes déjà davantage ciblés tendent à être surreprésentés dans les banques de données ADN, ce qui fausse les comparaisons ultérieures et renforce des logiques circulaires de suspicion. À terme, ces mécanismes sont susceptibles de compromettre tant la rigueur de l'enquête pénale que, plus largement, l'équité du système pénal et sa légitimité.

2. Le mésusage et le sous-emploi de la technologie ADN

044. – Un autre risque lié à la technologie ADN en matière pénale est celui de sa surutilisation ou, au contraire, de sa sous-utilisation. Notamment, les représentations des acteurs de terrain, le cas échéant approximatives ou erronées, peuvent conduire à une telle situation de mésusage ou de sous-emploi de ces techniques. Certains surévaluent le potentiel des sciences génétiques, considérant par exemple comme réelle la possibilité de dresser un « portrait-robot génétique », en mobilisant la technique du phénotypage. D'autres, à l'inverse, n'ont pas connaissance de la possibilité dans certains cas de définir l'origine biogéographique d'un individu sur la seule base de certaines séquences d'ADN non-codant.

*** La recherche familiale est une technique qui présente un certain degré de complexité. Elle peut notamment combiner le recours à des marqueurs autosomaux et à des marqueurs de lignée. Par ailleurs, les résultats produits supposent un travail exigeant d'interprétation par des experts en sciences forensiques ainsi que des efforts importants au niveau de leur communication aux autres acteurs de terrain – notamment pour en assurer la bonne compréhension. Parallèlement, l'objectif de cette technique d'investigation qui vise à identifier des individus dans le cadre d'affaires pénales en exploitant les caractères génétiques d'autres personnes qui leur sont biologiques apparentées, peut conduire le législateur à prévoir des conditions d'utilisation assez strictes. Ces différents éléments peuvent se conjuguer pour conduire à une sous-utilisation de cette technique par les acteurs de terrain – le cas échéant alors que, du point de vue strictement juridique, certains de ces usages seraient admis. À l'inverse, on ne peut pas exclure que, dans certaines hypothèses, il est recouru à la recherche familiale dans des circonstances qui ne le justifient pas. En effet, dans nombre d'enquêtes pénales, cette technique ne présente pas de réelle plus-value alors que son utilisation requiert souvent des moyens importants. À titre d'exemple, en Belgique, la recherche familiale est réalisée dans un premier temps uniquement en utilisant les marqueurs autosomaux, ce qui peut conduire à l'établissement de listes de personnes « suspectes » atteignant parfois plus d'une centaine d'unités. Il faut ensuite l'écrémer en la recoupant avec les autres informations issues de l'enquête pénale, ce qui implique souvent un travail lourd pour les personnes en charge de l'investigation.*

*** Un risque de nature similaire existe pour ce qui est de l'organisation de prélèvements de masse. L'attractivité « symbolique » de la technique — à la fois par l'efficacité qu'on lui prête communément et par son effet de mobilisation — pourrait inciter des enquêteurs à y recourir de manière incongrue parce que, par exemple, il n'y a aucun suspect dans une affaire pénale surmédiatisée. Ce type d'opérations, notamment si elles se répètent régulièrement, risquent de surcharger les acteurs de terrain, par exemple les laboratoires, sans pour autant avoir la certitude qu'elles conduiront à la production de résultats déterminants ou même simplement utiles. Une telle surcharge pourrait avoir des effets en cascade tels que ralentir l'ensemble des enquêtes pénales en cours, mais aussi provoquer une diminution de la qualité des analyses par manque de temps ou de rigueur dans la sélection et l'établissement des profils ADN à comparer. Par ailleurs, recourir sans utilité pour l'enquête pénale à un prélèvement de masse serait de nature à porter atteinte, de manière injustifiée, aux droits fondamentaux des personnes concernées, et à fragiliser la légitimité du système pénal et de ses acteurs.*

D. – Les options : Déclinaison et mise en scénarios

045. – Au niveau national, le législateur est amené à régler – ou non – la question du recours aux techniques d'exploitation de l'ADN en inscrivant sa démarche dans le cadre dressé dans les trois premiers temps d'analyse. Dans l'espace ainsi dessiné, il dispose d'une multitude d'options. Quant au quatrième temps de l'analyse, que l'on entame ici, il vise à exposer les différents leviers dont il dispose pour réguler ce domaine d'activités.

046. – Comme annoncé, l'attention porte, pour l'essentiel, sur les trois techniques d'exploitation de l'ADN que sont le phénotypage, la recherche familiale et le prélèvement de masse. Ceci étant, l'analyse englobe tant les conditions de leur mobilisation – c'est-à-dire les conditions auxquelles le recours à ces techniques est soumis – que les modalités de leur usage – ou, pour le dire autrement, les règles présidant à leur mise en œuvre.

047. – La recherche conduit à distinguer quatre volets, pour chacun desquels il est permis de distinguer les différentes alternatives se présentant au législateur au niveau de la régulation. Les deux premiers sont intimement liés l'un à l'autre. L'un concerne les aspects « scientifiques » du recours à l'ADN en matière pénal, ce qui couvre à la fois le type de matériel biologique utilisé, les différentes méthodes scientifiques employées et les catégories de données produites (A.). L'autre porte sur l'« encadrement » ou, pour être plus précis, sur la manière dont le législateur construit ses définitions, ce qui constitue une étape essentielle de la production du discours juridiques, pour appréhender les différents aspects du volet matériel (B). Les deux suivants ont trait à la manière dont le « pénal » se saisit des « réalités ». Le troisième se rapporte davantage à leur dimension « factuel ». Il s'agit d'interroger la manière dont le droit pénal – et donc indirectement la société elle-même – appréhende les faits eux-mêmes (C.) Leur gravité peut, par exemple, constituer un critère pour opérer le départ entre des situations où le recours à certaines techniques d'exploitation de l'ADN est autorisé, et celles où il est interdit. Le dernier volet, que l'on qualifie d'« opérationnel », renvoie davantage à la dimension procédurale du droit pénal *sensu lato*, dans la mesure où le législateur règle également le domaine d'activités soumis à l'analyse en définissant les fonctions des acteurs et en encadrant leurs pratiques (D). Il en sera ainsi, par exemple, lorsqu'il exige que, dans certaines hypothèses, l'usage fait d'une technique par un acteur procède d'une décision motivée.

D.1. - Volet « scientifique »

048. – Trois types d'éléments sont distingués à ce niveau, à savoir la matériel biologique, les méthodes scientifiques utilisées ainsi que la nature des données produites.

1. Le matériel biologique exploité

049. – L'exploitation de l'ADN en matière pénale repose sur l'analyse de différents types de matériel biologique, dont la nature détermine en grande partie le type d'informations pouvant être obtenues. On distingue principalement l'ADN nucléaire et l'ADN mitochondrial, chacun présentant des propriétés spécifiques et des intérêts distincts – variables en partie suivant le contexte des investigations.

050. – L'ADN nucléaire, situé dans le noyau des cellules, est le plus fréquemment utilisé dans les analyses ADN en matière pénale. Il comprend deux catégories principales : d'une part, l'ADN autosomal, qui regroupe les vingt-deux paires de chromosomes non sexuels et qui permet notamment une identification individuelle par la comparaison de marqueurs génétiques polymorphes situés sur différents *loci* du génome ; d'autre part, l'ADN contenu au niveau du chromosome Y, qui ne se retrouve que chez les individus de sexe masculin. Ce dernier est transmis quasi à l'identique de père en fils, ce qui le rend particulièrement utile pour établir une appartenance à une lignée paternelle. En revanche, cette spécificité implique qu'il ne peut être utilisé pour identifier des individus de sexe féminin et qu'il ne permet pas de distinguer les hommes d'une même lignée entre eux

051. – L’ADN mitochondrial, pour sa part, est localisé en dehors du noyau cellulaire, dans les mitochondries. Il est transmis exclusivement par la mère à l’ensemble de sa descendance, ce qui permet d’identifier une lignée maternelle partagée entre frères et sœurs. Sa structure circulaire et son nombre élevé de copies par cellule lui confèrent une résistance accrue à la dégradation, le rendant particulièrement exploitable dans les cas où le matériel biologique est ancien, dégradé ou en faible quantité – notamment dans les analyses de restes humains ou d’échantillons environnementaux altéré.

052. – Ainsi, le choix du matériel biologique exploité dépend étroitement des objectifs poursuivis et des contraintes techniques rencontrées. L’ADN nucléaire demeure la référence pour l’identification individuelle ou la comparaison de profils, tandis que l’ADN mitochondrial et le chromosome Y offrent des outils complémentaires, particulièrement utiles lorsque les échantillons sont dégradés ou que l’enquête requiert une approche fondée sur la lignée biologique plutôt que sur l’individu lui-même.

2. Les méthodes scientifiques utilisées

053. – Les techniques d’exploitation de l’ADN reposent sur différentes méthodes scientifiques d’analyse génétique, qui permettent chacune d’extraire ou d’interpréter des types distincts d’informations à partir du matériel biologique recueilli. Ces méthodes se différencient principalement par la nature des marqueurs qu’elles examinent — les STR (Short Tandem Repeats) ou les SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) — et par le niveau d’inférence qu’elles autorisent, allant de l’identification individuelle à la déduction de caractéristiques phénotypiques.

054. – La méthode la plus classique repose sur l’analyse des marqueurs STR, c’est-à-dire de courtes séquences répétées situées à des positions précises du génome, appelées loci. Chaque individu possède pour chaque locus deux allèles, l’un hérité du père, l’autre de la mère. L’étude des STR permet de comparer le nombre de répétitions de ces séquences entre deux profils ADN. Cette approche, utilisée de manière standardisée (généralement sur 16 à 24 loci), constitue la base de l’identification génétique : elle permet d’établir une concordance parfaite entre une trace et un individu. C’est cette méthode qui est mobilisée aussi bien dans les analyses classiques que dans la recherche familiale ou le prélèvement de masse, selon des finalités différentes.

Dans la recherche familiale, la comparaison ne vise plus une identité parfaite, mais une ressemblance partielle entre profils génétiques. Les apparentés d’un individu (parents, enfants, frères, etc.) partagent en effet une proportion variable de marqueurs STR selon le degré de parenté. Pour mesurer cette ressemblance, les experts recourent au likelihood ratio (LR), ou rapport de vraisemblance, un outil statistique permettant d’évaluer la probabilité d’obtenir les résultats observés selon deux hypothèses : celle où les individus sont apparentés (H1) et celle où ils ne le sont pas (H2). Plus le rapport LR est élevé, plus l’hypothèse de parenté est jugée plausible. Cette méthode permet ainsi de quantifier la proximité biologique entre deux profils et d’exprimer le résultat sous forme probabiliste, plutôt que binaire.

055. – À côté des STR, l’analyse peut porter sur des SNP (Single Nucleotide Polymorphisms), c’est-à-dire des variations ponctuelles affectant une seule base de la séquence ADN. Ces polymorphismes, beaucoup plus nombreux et répartis sur l’ensemble du génome, offrent un potentiel plus large d’exploitation, notamment pour les analyses de phénotypage. Dans ce cadre, les scientifiques ne recherchent pas directement un gène unique, mais déduisent certaines caractéristiques (couleur des yeux, des cheveux, origine biogéographique, etc.) à partir de l’étude statistique d’un ensemble de SNP associés à ces traits.

056. – Les STR relèvent donc d’une méthode comparative, orientée vers l’identification ou la parenté, tandis que les SNP permettent une approche déductive, tournée vers la prédiction de traits caractéristiques, notamment biologiques ou biogéographiques. Ces deux méthodes, bien que reposant sur des principes distincts, peuvent être complémentaires dans certaines situations d’enquête : la

première établit des correspondances, la seconde fournit des indices d'orientation lorsqu'aucun profil connu ne peut être comparé.

3. Les informations générées

057. – Les techniques d'exploitation de l'ADN produisent des données de nature variable, en fonction du type de matériel biologique exploité et de la méthode scientifique mobilisée. On peut distinguer quatre grandes catégories d'informations générées par ces analyses :

- Une information sur l'identité de la source d'un échantillon biologique ou d'une trace découverte. Elle est obtenue grâce à l'analyse de l'ADN autosomal, dans le cadre d'une comparaison de type classique ou d'un prélèvement de masse. Une concordance parfaite entre tous les loci de deux profils ADN permet d'en déduire que le matériel provient d'une seule et même personne. Cette méthode présente un très haut pouvoir discriminant, chaque profil étant, sauf exceptions rares (vrais jumeaux), propre à un seul individu.
- Une information sur la proximité biologique entre deux personnes dont on a le profil ADN. Ce type d'information est produit dans le cadre de certaines recherches familiales, qui exploitent également l'ADN autosomal mais selon une logique différente. On cherche ici des similitudes partielles entre les profils afin d'évaluer un lien de parenté probable. Le rapport de vraisemblance (likelihood ratio) permet de mesurer statistiquement la probabilité qu'un individu soit apparenté biologiquement à la source de la trace inconnue. Le pouvoir discriminant est ici intermédiaire, puisqu'il n'y a pas d'identification stricte, mais une orientation vers des membres d'un même cercle familial (*sensu lato*).
- Une information sur l'appartenance à une même lignée biologique, sans distinction individualisée. L'analyse des marqueurs de lignée (ADN mitochondrial ou chromosome Y) permet d'identifier une transmission par voie unilinéaire, maternelle pour le premier, paternelle pour le second. Ces données permettent de regrouper plusieurs individus dans une même lignée, mais ne permettent pas de les différencier entre eux. Le pouvoir discriminant est donc relatif, mais ces marqueurs peuvent notamment être utiles lorsque l'ADN autosomal est partiellement dégradé ou inexploitable ou qu'il s'agit d'un mélange de traces.
- Une information sur les caractéristiques de la source de la trace ou du matériel. Certaines analyses de SNP permettent d'inférer des traits caractéristiques de la personne, physiques ou autres. Il ne s'agit pas ici d'une information sur l'identité ou la parenté, mais de particularités permettant d'orienter les investigations. Le pouvoir discriminant est en général limité, mais il peut jouer un rôle complémentaire dans les enquêtes.

058. – Ainsi, la nature des données produites varie selon le type de matériel biologique exploité et de méthodes d'analyse mobilisées : identification stricte, proximité génétique, appartenance lignagère, ou profil génétique « indicatif » ou « descriptif ». Chacun de ces types de données présente un degré de discrimination différent, qui conditionne son utilité probatoire et opérationnelle – variable suivant le contexte à la fois des faits et de l'enquête pénale.

D.2. Volet « encadrement »

059. – Le discours juridique se trouve largement articulé au départ d'une série d'opérations de « définition » ou, pour le dire autrement, de « catégorisation ». Celles-ci permettent notamment de déterminer les objets des règles de droit. Par exemple, la détermination du champ d'application d'un dispositif juridique repose exclusivement ou presque sur ce type d'opérations. De manière similaire, celles-ci interviennent lorsqu'au sein d'un champ de pratiques, les comportements autorisés sont distingués de ceux interdits, ou que sont déterminées les procédures, les garanties ou les modalités à respecter. La réglementation du recours à la technologie ADN en matière pénale ne fait pas exception, loin s'en faut. Par exemple, la loi du 22 mars 1999 relative à la procédure d'identification par analyse

ADN en matière pénale limitait, avant sa réforme en 2024, son champ d'application aux seules pratiques portant sur l'ADN non-codant – laissant les autres dans une sorte de « flou » ou de « vide » juridique, ce que d'aucuns ont interprété comme étant la manifestation de leur interdiction.

1. Définition en compréhension ou en extension

060. – Dans ce contexte, la définition peut apparaître sous différentes formes. L'on peut distinguer à cet égard, sans exclure toute combinaison ou déclinaison hybride, les définitions en compréhension et en extension. Les premières désignent l'appréhension d'un concept – ou d'un objet – au travers d'un ensemble de propriétés qui le caractérise. Les différents éléments qu'il recouvre ne sont pas identifiés comme tels, mais au terme d'une opération de l'esprit, qui consiste à répertorier ceux qui présentent effectivement ces propriétés. Ces dernières sont susceptibles de revêtir diverses formes, assez variées. En effet, une propriété peut renvoyer à une certaine matérialité ou réalité factuelle, mais également se définir au départ des finalités poursuivies ou, encore, des fonctions attachées au concept.

*** Par exemple, la législation belge définit en compréhension le phénotypage, et ce, en référence à la double finalité poursuivie en usant de la technologie ADN – à savoir la « prédiction » de certains traits caractéristiques dans le but d'identifier directement ou indirectement une personne qui est la source d'une trace inconnue. On notera toutefois que ces traits caractéristiques sont précisés en extension, et de manière exhaustive, par le législateur. Il s'agit de « la couleur des cheveux, la couleur des yeux, l'âge et l'origine biogéographique ».*

*** Quant à la définition de la recherche familiale en droit belge, elle repose, pour l'essentiel, sur le recours à une opération technique déterminée, à savoir la comparaison de profils ADN dont celui d'une trace inconnue, et la détermination d'une finalité précise, en l'espèce la recherche de liens de parenté biologique donnés avec la personne qui est la source de cette trace.*

*** Pour ce qui concerne le prélèvement de masse, la proposition de loi 1756/001 modifiant le Code d'instruction criminelle en vue de faciliter l'analyse ADN à grande échelle en Belgique n'en propose aucune définition en compréhension – du moins de manière claire et univoque. Elle en décrit plutôt les contours au moyen d'une série d'éléments factuels, en présentant cette méthode d'investigation comme le prélèvement d'un échantillon de référence sur les membres d'un groupe de personnes susceptibles d'être liées à l'enquête pénale, sans qu'il ne soit exigé à leur encontre l'existence d'un indice sérieux de culpabilité.*

Le recours à des définitions en compréhension peut s'avérer problématique en termes de respect des droits fondamentaux, ou du point de vue opérationnel pour les acteurs de terrain.

*** C'est particulièrement vrai dans le cas du prélèvement de masse tel que défini par la proposition de loi 1756/001, qui repose sur une conjonction d'éléments factuels sans préciser clairement les contours de la méthode d'enquête. Ce manque de clarté est de nature à laisser aux acteurs de terrain une marge de manœuvre utile, leur permettant d'adapter la procédure aux nécessités de l'investigation. Cette souplesse représente toutefois plusieurs risques dont celui brouiller la frontière entre des mesures d'enquête pénale ciblées et des dispositifs de surveillance plus larges. Pour y remédier, le législateur pourrait être tenté, entre autres, de fixer des critères plus stricts – par exemple quant à la taille minimale ou maximale du groupe, ou en prévoyant des critères précis d'inclusion. Cette voie, cependant, ne serait pas sans écueil, notamment celui de retenir des catégories juridiques qui ne correspondent pas à la diversité des contextes opérationnels, ou de rendre le cadre légal trop rigide pour les acteurs de terrain. Enfin, au-delà de cette tension entre la souplesse normative requise et la nécessaire sécurité juridique, se pose la question d'autres enjeux particulièrement importants, liés au respect des droits fondamentaux. Ainsi, le recours au prélèvement de masse pourrait reposer sur une logique d'action collective et préventive, visant notamment des personnes non soupçonnées individuellement. Cette situation accroîtrait le risque de stigmatisation ou de discrimination indirecte, notamment en cas d'usage disproportionné de ces méthodes dans certains contextes – avec in fine des groupes ciblés sur la base de déterminants sociaux, ethniques ou biogéographiques.*

061. – Quant aux définitions en extension, elles consistent à préciser le sens et la portée d'un concept en identifiant, unité par unité, les éléments que celui-ci recouvre. Pour cette raison, elles se présentent régulièrement dans les dispositifs normatifs sous la forme de listes. Ces éléments constituent le plus souvent des « réalités matérielles » ou « factuelles », par exemple des sortes déterminées de matériels biologiques ou des types particuliers de techniques. Ceci étant, le recours à la liste n'est pas l'apanage de ce type de définitions. Par exemple, l'établissement d'une série de fonctions ou de finalités peuvent être mobilisées de manière alternative pour définir *in abstracto* un concept donné.

En tant que technique de catégorisation, la liste se décline sous différentes formes, présentant chacune des incidences sur le degré de flexibilité. Celle-ci peut concerner la portée elle-même des concepts définis. L'on peut rattacher à ce niveau la distinction entre les listes suivant leur caractère exhaustif ou exemplatif. La question de la flexibilité peut également s'inscrire dans une approche temporelle. Elle se traduit par la présence ou l'absence de dispositifs prévus pour permettre la modification de ces listes. Portant pour l'un sur la portée elle-même des concepts et pour l'autre sur leur disposition à la révision, ces deux axes se combinent nécessairement pour leur conférer à chacun d'entre eux un certain degré de flexibilité – celle-ci se concevant alors à la fois de manière « spatiale » et « temporelle ». Ces points sont développés dans la suite du document.

2. Liste limitative ou exemplative

062. – Le législateur peut choisir d'encadrer les techniques d'exploitation de l'ADN au moyen de listes dites « exhaustives » ou « exemplatives ». Une liste exhaustive est une énumération fermée : seuls les éléments qu'elle mentionne expressément peuvent être pris en compte. Ce type de liste limite strictement les possibilités d'action, tout en garantissant une plus grande sécurité juridique renforcée. À l'inverse, une liste exemplative se veut plus souple. Elle donne des exemples, mais ne prétend pas à l'exhaustivité : elle autorise donc implicitement d'autres cas similaires, même s'ils ne sont pas mentionnés expressément. Cette approche permet davantage de flexibilité, mais peut générer des incertitudes ou des interprétations divergentes.

*** Dans le cas de la recherche familiale, certains aspects de la technique ne peuvent a priori être appréhendés qu'au moyen d'une liste exhaustive. C'est notamment le cas des types de parenté biologique pouvant être mis en évidence en recourant à cette technique (ligne directe ou collatérale, degré de parenté) ou, encore, celui des types de matériel biologique susceptible d'être exploité (ADN autosomal, marqueurs de lignée Y-STR ou ADNmt). Ces éléments, par leur nature même, appellent un encadrement précis. À l'inverse, d'autres aspects, comme les techniques employées ou les types de faits concernés, peuvent en principe être encadrés de manière plus ouverte. Ce sont là davantage des domaines dans lesquels le législateur dispose a priori d'un plus grand espace de manœuvre pour décider de « figer » les choses ou, au contraire, de laisser aux acteurs de terrain une certaine marge d'appréciation.*

*** Le prélèvement de masse peut être appréhendé par le biais d'une définition articulée autour d'une ou de plusieurs séries d'éléments, prenant la forme de listes soit exhaustives, soit exemplatives. Notamment, les critères de constitution du groupe dont les membres sont visés par le prélèvement peuvent être définis de façon exhaustive, avec des conditions strictes d'inclusion, ou de manière exemplative, à travers une série de situations types. De même, le nombre de personnes pouvant être prélevées peut faire l'objet d'un seuil légal. Par exemple, aux Pays-Bas, la loi néerlandaise prévoit qu'« un groupe de quinze tiers ou plus ne peut être invité à fournir du matériel cellulaire qu'après autorisation écrite du juge d'instruction à la demande du procureur général ». Dès lors, un prélèvement de masse n'est est un que si le groupe prélevé est constitué de quinze personnes au minimum.*

063. – Le choix entre ces deux approches engage un arbitrage classique entre, d'une part, la sécurité juridique et la légitimité démocratique (que renforcent des règles juridiques claires, pérennes et, le cas échéant, adaptées par la voie législative) et, d'autre part, l'adaptabilité des dispositifs de régulation et l'efficacité publique dans la production de la vérité factuelle (qui impliquent un cadre normatif souple, pour rencontrer aisément les contraintes opérationnelles et intégrer rapidement les innovations techniques).

3. Liste fixe ou évolutive

064. – Les listes se distinguent également sur la base d’une autre variable qui est leur caractère « fixe » ou « évolutif ». Une liste fixe est stable dans le temps car elle ne peut être modifiée qu’au terme d’un processus législatif formel. Elle tend à garantir à la fois la lisibilité et la prévisibilité de la règle pour les acteurs de terrain. À l’inverse, une liste évolutive peut faire l’objet d’une modification en s’appuyant sur des dispositifs plus souples ou moins formels, sans suivre la procédure empruntée pour établir la liste initiale. Elle permet *a priori* de mieux tenir compte des innovations techniques et répondre aux attentes et besoins des acteurs de terrain. Cette dernière approche se traduit, par exemple, par une habilitation législative de l’exécutif pour adapter certaines listes. Elle peut également prendre la forme de l’établissement d’une entité *ad hoc*, par exemple un comité d’experts, à qui il revient d’adapter dans certaines conditions les éléments repris sur une liste déterminée. Ce type de mécanismes répondent dans une certaine mesure au moins au souci d’articuler, sans les opposer, les exigences de la légitimité démocratique et les impératifs de terrain.

*** C’est le choix qu’a fait la Suisse. Avant la réforme intervenue en 2023, la législation prévoyait qu’une recherche en parentèle ne pouvait avoir lieu que pour établir un lien de parenté biologique entre, d’une part, la personne qui est la source de la trace inconnue et, d’autre part, ses parents, enfants, frères et sœurs. La loi fédérale suisse sur les profils d’ADN du 20 juin 2023 permet dorénavant d’effectuer une « recherche en parentèle [...] dans le système d’information » aux fins d’« élucider un crime », en ne limitant plus l’étendue de la recherche en question. Elle habilite toutefois le Conseil fédéral à édicter des « dispositions d’exécution réglant notamment la recherche en parentèle ». La Suisse n’a donc pas opté pour la création d’un organe « technique » ou « expert » ad hoc, mais s’appuie sur le pouvoir exécutif pour apporter, dans un cadre juridique prédéfini, des réponses plus rapidement, et donc a priori plus adaptées aux réalités de terrain.*

D.3. - Volet « factuel »

065. – La réglementation du recours aux techniques d’exploitation de l’ADN peut également être déterminée en fonction des faits dont le système pénal est saisi. Ceci ne doit pas étonner notamment parce que le recours à ces techniques peut se traduire par des ingérences plus ou moins importantes aux droits fondamentaux ou, encore, présenter un degré d’efficacité qui est fonction des circonstances. Par ailleurs, ces faits mobilisés comme critère de distinction peuvent être appréhendés *in abstracto*, par exemple au prisme de leur seule qualification, ou, au contraire, pris *in concreto*, c’est-à-dire en tenant compte du cas d’espèce et de ses spécificités.

066. – Ces considérations invitent à distinguer différents critères pour déterminer ce qui est autorisé et ce qui ne l’est pas. Ceux-ci tiennent essentiellement à la gravité des faits ou à la spécificité de ces derniers – voire à l’entrecroisement de ces deux aspects.

067. – Les critères relatifs à la gravité des faits consistent, par exemple, dans la nature de l’infraction commise ou tentée. Ainsi, en Belgique, sous l’empire du Code pénal de 1867, il existe les contraventions (dont la peine maximale encourue n’excède pas six mois d’emprisonnement), les délits (qui peuvent être punis d’une peine d’emprisonnement) ou les crimes (qui peuvent être punis d’une peine de réclusion). Les techniques d’exploitation de l’ADN pourraient, par exemple, être limitées aux seuls crimes.

Cette gravité peut également être déterminée à partir du niveau de peine encourue. Aux Pays-Bas notamment, le recours actif à la recherche familiale est limité aux infractions punissables d’une peine maximale d’au moins huit ans d’emprisonnement, et à une liste d’infractions limitativement énumérée par la loi et qui sont passibles d’une peine maximale d’au moins six ans d’emprisonnement.

Ces deux approches (nature de l'infraction ou *quantum* de la peine) sont transversales et globales en ce qu'elles ne tiennent pas compte du type précis de faits mais uniquement du degré de répression pénale qui leur est associés.

068. – Le recours à des critères liés à la spécificité des faits peut *a priori* permettre un encadrement plus souple et contextuel. Ils permettent une analyse plus ciblée des cas d'espèce et une évaluation *in concreto* du potentiel recours aux techniques d'exploitation de l'ADN. Cette spécificité peut se décliner de plusieurs façons :

- D'abord, à travers la nature des faits : les techniques d'exploitation de l'ADN pourraient être limitées aux faits considérés comme particulièrement graves, tels que les faits terroristes ou de nature sexuelle ou, encore, les homicides. Certains États choisissent d'établir des listes d'incriminations pour lesquelles ces techniques peuvent être mobilisées. C'est le cas de la France qui limite le recours à la recherche familiale aux infractions listées à l'article 706-55 du Code de procédure pénale. Il faut relever que les infractions visées par cette disposition sont nombreuses, ce qui tempère la prise en compte de la gravité et met sous tension le principe de proportionnalité.
- Par ailleurs, certaines techniques d'exploitation de l'ADN peuvent être mobilisées uniquement pour des faits d'un certain type, en lien avec leur caractère sensible : le profil particulier de l'individu à la source de la trace inconnue ou de la victime (mineure ou vulnérable, par exemple), la concordance entre des traces inconnues découvertes dans différents dossiers, etc. Ce critère de la concordance peut, notamment, constituer une condition pour la mise en œuvre de techniques particulières d'exploitation de l'ADN telles que la recherche familiale.
- Enfin, la complexité de l'enquête pénale elle-même peut constituer un critère pertinent. Le recours aux techniques d'exploitation de l'ADN pourrait être envisagé dans des affaires sans piste sérieuse, dans lesquelles plus aucun acte d'enquête pénale n'a été posé depuis un certain temps ou lorsque tous les autres moyens d'investigation moins intrusifs ont déjà été mobilisés ou s'avèrent sans pertinence au regard des éléments du dossier.

Ces différents critères permettent d'encadrer ou, à tout le moins, d'orienter le recours aux techniques de l'exploitation de l'ADN pour élucider des affaires jugées suffisamment graves ou spécifiques pour justifier des moyens d'investigation de cette nature. Ces critères envisagés ici ne sont pas exhaustifs.

D.4. - Volet « opérationnel »

069. – Qualifié d'opérationnel, le présent volet a plus spécifiquement pour objet les aspects procéduraux du droit pénal *sensu lato*. L'attention porte ici sur la réglementation du recours à la technologie ADN en matière pénale à travers l'identification d'une série d'acteurs auxquels différentes fonctions sont assignées, ainsi que par l'encadrement de leurs pratiques. Celui-ci se présente comme un ensemble de principes ou de règles qui conditionnent tant la possibilité même de recourir à une technique que les modalités de sa mise en œuvre. Il se traduit également par l'instauration de nouveaux dispositifs de contrôle ou, à tout le moins, de la soumission de certaines pratiques à des dispositifs de contrôle déjà existant.

1. Les acteurs

070. – La technique de l'habilitation permet, dans un domaine d'activités déterminé, de limiter certaines opérations à des acteurs particuliers. Cette manière de procéder permet, en termes de régulation, de limiter certains coûts et risques liés à la réalisation de ces opérations, ainsi que de faciliter le contrôle de leur réalisation. La technique de l'habilitation va *a priori* de pair avec l'imposition d'un ensemble de règles qui ont trait à la sélection des acteurs, à la réalisation de leurs activités ou au contrôle de ces dernières. Par exemple, il convient de déterminer quels sont les acteurs qui sont habilités à autoriser ou à ordonner le recours aux techniques ADN en matière pénale. Cette

compétence peut notamment être réservée aux seuls magistrats. Comme leur utilisation implique une contrainte ou porte atteinte aux droits fondamentaux, cette compétence revient, en Belgique, au juge d'instruction et, dans certains cas particuliers, au procureur du Roi – notamment dans l'hypothèse du flagrant délit ou dans le cadre de la mini-instruction. Les services de police pourraient également, dans certains systèmes juridiques, se voir reconnaître davantage de compétences ou d'autonomie dans l'initiation ou la mise en œuvre de ces techniques, sous certaines conditions et dans des cadres bien définis.

*** S'agissant de la recherche familiale, le nombre et la diversité des acteurs mobilisés rendent son encadrement particulièrement complexe. Plusieurs intervenants aux statuts et missions distincts interviennent successivement : le magistrat qui autorise la mesure, l'officier de police judiciaire qui la met en œuvre, l'expert qui procède à l'analyse de l'ADN, le gestionnaire de la banque de données ADN qui effectue les comparaisons et signale les concordances, ainsi que le magistrat qui décide des suites à réserver aux correspondances observées. Ce morcellement de la chaîne d'acteurs pose de nombreuses questions pratiques, en particulier en termes de coordination, de temporalité et de moyens mobilisables. Ainsi, la distribution des rôles doit donc faire l'objet d'un encadrement minutieux, garantissant à la fois l'efficacité de la procédure, la traçabilité des décisions, et le respect des droits fondamentaux.*

2. Les contrôles

071. – Un dispositif de contrôle peut être défini comme l'intervention d'un tiers, chargé de vérifier le respect des principes et règles applicables dans un domaine d'activités déterminé. Si ce tiers n'intervient pas nécessairement à chaque fois qu'un acte est posé, son rôle consiste à garantir que les conditions encadrant sa mise en œuvre sont réunies et que toute violation de ces conditions peut entraîner des conséquences de nature rétrospective ou prospective, sur le plan procédural ou d'ordre juridique.

Les dispositifs de contrôle sont des plus variés. Différents critères de catégorisation permettent de rendre compte de leur diversité, mais également de présupposer dans une certaine mesure leur plus-value ainsi que les coûts et risques qui leur sont associés. Ces différents axes de distinction sont à combiner les uns avec les autres pour appréhender pleinement un dispositif de contrôle déterminé.

Deux points additionnels doivent être soulignés avant d'aller plus avant dans l'explicitation des critères de catégorisation des dispositifs de contrôle. Ces derniers peuvent avoir différents objets. Ils ne portent pas forcément sur l'usage fait d'une technique, mais peuvent également concerner la technique elle-même, par exemple dans le cadre d'une procédure de validation d'un kit, ou l'acteur qui y recourt – ce qui recoupe en partie les considérations liées à leur habilitation. L'autre point concerne le cumul des dispositifs de contrôle et leur articulation. Leur mise en place doit être idéalement pensée et évaluée de manière globale, ce qui rend ces démarches plus lourdes et complexes.

072. – L'ordonnancement des dispositifs de contrôle constitue un premier critère de leur caractérisation. Il s'agit, pour le dire autrement, de la temporalité du contrôle. Celui-ci peut avoir lieu en amont, voire même conditionner une ou plusieurs pratiques. L'habilitation d'un acteur en est un exemple, tout comme la réalisation d'un examen de nature déontologique ou technique préalable par une commission indépendante ou, encore, l'exigence d'une formation spécifique. À l'inverse, certains contrôles sont réalisés en aval, par exemple via des recours contre les actes d'enquête devant les juridictions d'instruction ou, encore, par un organe de contrôle chargé de vérifier systématiquement la régularité des actes réalisés. Si les contrôles *a posteriori* présentent *a priori* l'intérêt de limiter les entraves aux actions menées par certains acteurs de terrain, les garanties qu'ils offrent tiennent pour partie à la confiance placée dans ces acteurs. Ces contrôles, bien plus que ceux réalisés *a priori*, posent la question des sanctions attachées à la violation des dispositifs juridiques.

073. – Les dispositifs de contrôle peuvent également se différencier les uns des autres au regard de leur portée. Celle-ci peut être générale, dans le sens où le contrôle porte sur l'ensemble que forment comme telles les pratiques soumises au contrôle, comme par exemple dans le cadre d'un audit, d'un rapport statistique ou d'une évaluation périodique menée par une commission. D'autres contrôles ont lieu *in casu*, c'est-à-dire par rapport à un cas particulier : il peut notamment s'agir de vérifier la régularité de la preuve produite dans une affaire particulière, ce qui engage la discussion sur sa recevabilité au regard du principe du procès équitable.

074. – Une autre distinction porte sur le caractère obligatoire ou facultatif du contrôle. Cette distinction affecte tant la portée du contrôle que la responsabilité des acteurs de terrain concernés. Un contrôle obligatoire s'impose dans le processus et est de nature à décharger au moins pour partie ces acteurs de leur responsabilité, tandis qu'un contrôle facultatif peut cibler certaines situations à risques ou servir de recours en cas de contestation. Cette caractéristique permet également de discuter, en aval, de la recevabilité des preuves, en lien avec la manière dont les règles encadrant la pratique ont été respectées ou non.

075. – Les dispositifs de contrôle sont, dans un certain nombre d'hypothèses, mis en place pour encadrer spécifiquement le recours à la technologie ADN en matière pénale. Ces dispositifs *ad hoc* sont *a priori* calibrés sur la base des spécificités de ce champ de pratiques et de ses enjeux. On pense par exemple à la validation préalable des kits de phénotypage par des organes d'experts. Viennent s'y ajouter d'autres soit de nature transversale, soit se limitant à d'autres champs ou ensembles de pratiques autrement définis. Si ces dispositifs de contrôle ne sont pas spécifiques à la question du recours à la technologie ADN, cela ne les rend pas, en soi, moins opérants ou efficaces. Par exemple, l'on peut supposer qu'au moins dans une certaine mesure, pour ce qui est des droits fondamentaux, une approche intégrative est davantage de nature à garantir leur respect. Par ailleurs, la justice pénale fait intervenir, dans nombre de cas d'espèce, une multitude d'acteurs de terrain dont certaines pratiques sont de nature très technique ou qui mettent fortement sous tension les droits fondamentaux. Cette situation rend indispensable des efforts de rationalisation en termes de contrôle, ce qui peut notamment conduire à cibler les dispositifs de contrôle ou à les inscrire dans une logique plus transversale de régulation.

076. – Un dernier binôme permettant la catégorisation des dispositifs de contrôle est celui formé par les objectifs sous-tendant leur établissement ainsi que les conséquences attachées au constat de la violation des principes et règles applicables. De manière générale, ces éléments que constituent les finalités et les sanctions, sont étroitement liés les uns aux autres dès lors que ces dernières sont *a priori* conçues comme les conséquences liées au non-respect des principes et règles d'un dispositif juridique, élaboré et adopté pour atteindre les objectifs qui le sous-tend.

Certains dispositifs de contrôle poursuivent des objectifs plus techniques ou opérationnels. Par exemple, un mécanisme d'habilitation permet de s'assurer que seuls les acteurs répondant à certains critères — compétences, impartialité, formation, etc. — sont autorisés à recourir à une technique donnée. En revanche, d'autres dispositifs de contrôle ont une visée plus répressive ou régulatrice. Ainsi, une preuve obtenue de manière irrégulière peut, dans certains cas, être écartée, notamment si son utilisation est susceptible de porter atteinte au droit à un procès équitable.

L'on doit également évoquer à ce niveau des dispositifs de contrôle de portée bien plus générale et transversale que sont l'ensemble des mécanismes de responsabilité — que celle-ci soit pénale, civile, ordinale ou autre. L'on note à ce niveau que ces derniers ne ciblent pas forcément une seule personne, mais peuvent souvent viser une « chaîne » d'acteurs. Un supérieur hiérarchique, par exemple, peut voir sa responsabilité engagée pour le comportement d'une autre personne exerçant des fonctions sous son autorité ou sa surveillance.

077. – Il convient de souligner que certains types de caractérisation des dispositifs de contrôle vont généralement de pair (comme les contrôles *a posteriori* avec des sanctions relativement ciblées), alors que d'autres tendent à s'exclure mutuellement (par exemple, un dispositif de contrôle obligatoire et centralisé étant peu ou prou incompatible avec une logique de régulation essentiellement facultative et décentralisée).

Par ailleurs, on notera, au niveau de l'agencement des dispositifs de contrôle par rapport à un ensemble de pratiques déterminées, non pas tellement une logique strictement linéaire, mais au moins pour partie circulaire. Ainsi, les contrôles effectués en aval, par exemple par la Cour de cassation dans une affaire pénale déterminée, sont susceptibles d'avoir des répercussions tant sur les acteurs de terrain intervenant en amont, au moins pour l'avenir, qu'au niveau de la norme elle-même, par exemple avec l'adaptation du cadre légal ou réglementaire. A l'inverse, les acteurs de terrain tiennent compte, dans bon nombre de cas, et souvent sans y être contraints, des conclusions tirées dans des rapports d'audit ou d'évaluation, par exemple.

078. – Enfin, lorsqu'on prend distance par rapport à cette question, l'on est amené à constater que ces différents dispositifs de contrôle jouent un rôle essentiel dans la garantie du respect des droits humains, de la sécurité juridique et de légitimité sociale des techniques employées en matière pénale. Leur impact est également perceptible sur le niveau de standardisation ou d'individualisation des pratiques, ainsi que sur l'organisation et le fonctionnement de la justice pénale elle-même (en termes de célérité procédurale, de charge de travail des juridictions, etc.). Leur efficacité dépend aussi des conditions concrètes de leur mise en œuvre, notamment lorsque des mécanismes prévus deviennent automatisés ou formels, au risque de perdre en effectivité – notamment pour ce qui est du contrôle de la proportionnalité des pratiques en cause.

3. La proportionnalité

079. – Comme pour de nombreuses autres questions en droit pénal, la régulation du recours à la technologie ADN ne peut faire l'économie d'une réflexion en termes de proportionnalité. A cet égard, l'on doit garder à l'esprit qu'il ne s'agit pas uniquement d'une série d'exigences abstraites s'inscrivant au niveau du dispositif juridique lui-même. Le principe de proportionnalité implique, dans bien des cas, un examen concret portant sur l'adéquation des finalités poursuivies avec les principes mis en cause ainsi que les moyens requis par les mesures concernées et les effets de ces dernières. Dans cette perspective, il est souvent tenu compte, au niveau de la régulation, d'éléments tels que la gravité ou la nature de l'infraction, de l'intensité et l'ampleur des ingérences en termes de droits fondamentaux, ainsi que des personnes concernées par les mesures, y compris lorsqu'elles sont éventuellement étrangères à l'enquête pénale elle-même. On peut y ajouter encore d'autres éléments, notamment la plus-value des mesures en termes de production de la vérité factuelle et judiciaire, ce qui implique de tenir compte, entre autres, de leur fiabilité ou de leur capacité discriminante.

*** Par exemple, en droit belge, la recherche familiale n'est autorisée que pour l'élucidation de certaines infractions, à savoir celles susceptibles de donner lieu à l'enregistrement du profil ADN d'une personne dans la banque de données ADN « condamnés ».*

*** La même approche est retenue en France en matière de recherche familiale, où le recours à cette technique est limité aux infractions énumérées à l'article 706-55 du Code de procédure pénale. Toutefois, cette liste est particulièrement étendue, ce qui tend à relativiser la garantie qu'offre cette disposition en termes d'usage proportionné. En effet, la restriction du recours à la recherche familiale s'en trouve atténuée, au risque de banaliser l'emploi de cette technique et de donner l'impression que des garanties légales sont bien prévues pour éviter les excès ou abus.*

4. La subsidiarité

080. – Comme pour la proportionnalité, la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale appelle une réflexion spécifique en termes de subsidiarité. De manière tout à fait générale, ce principe implique que le recours à une mesure ne puisse être envisagé qu'à défaut de pouvoir en mobiliser une autre. Il trouve plus spécialement à s'appliquer en matière de respect des droits fondamentaux, tout particulièrement lorsque les mesures ou pratiques en cause constituent des formes d'ingérence plus ou moins importantes. Rien ne fait toutefois obstacle à ce que la logique de la subsidiarité soit pensée et développée également à d'autres niveaux, par exemple en termes d'affectation des ressources au sein du système pénal.

Par ailleurs, il y a lieu de souligner que, lorsque la subsidiarité est érigée en règle, il importe de définir en quoi consiste le critère discriminant. Ainsi, pour ce qui est des techniques ADN en matière pénale, elle peut être fixée par rapport aux autres méthodes d'analyse ADN, à l'exploitation des banques de données ADN et de leur contenu ou, encore, à tout autre type d'investigation. Une autre variable est celle du degré d'appréciation qui est laissé à l'acteur appelé à déterminer si l'on est bien ou non, pour une question donnée, dans une situation de subsidiarité.

*** La législation belge prévoit des exigences de subsidiarité différentes selon la technique ADN mobilisée. Pour ce qui concerne le phénotypage, les comparaisons ADN « classiques » doivent avoir été mises en œuvre : le profil ADN de la trace inconnue doit avoir été comparé avec les profils ADN de référence des suspects du dossier en cause, ainsi qu'avec les profils ADN déjà enregistrés dans les banques de données ADN, pour que le recours à cette technique d'enquête puisse être envisagé.*

Pour ce qui est de la recherche familiale en Belgique, l'exigence de subsidiarité est double, voire triple : le profil ADN de la trace inconnue doit avoir été comparé avec les profils ADN des suspects dans le dossier et avec les profils ADN déjà enregistrés dans les banques de données ADN, sans que ces comparaisons aient donné de résultats. En complément, aucun autre moyen d'enquête pénale ne doit sembler suffire à la manifestation de la vérité. Dans l'évaluation de cette deuxième condition, le législateur belge décide donc de laisser une certaine marge de manœuvre au magistrat qui prend la décision de recourir ou non à la recherche familiale. Enfin, les règles en matière de recherche familiale comportent, en elles-mêmes, au niveau de leur mise en œuvre, une exigence de subsidiarité supplémentaire. La recherche familiale doit d'abord être effectuée sur la base de la comparaison des marqueurs autosomaux, afin de mettre en évidence des concordances partielles (et donc des liens de parenté). Ce n'est qu'après cette première étape que, si le magistrat l'estime nécessaire et dans l'intérêt de l'enquête, il peut décider d'effectuer une comparaison sur la base de marqueurs de lignée, cette fois pour confirmer ou infirmer que les personnes concernées par la correspondance partielle appartiennent bel et bien à la même lignée.

5. La motivation

081 – L'exigence de motivation constitue également un élément particulier susceptible d'intervenir dans la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale. Elle est régulièrement vue comme un levier majeur de rationalisation du processus décisionnel, en ce qu'elle impose à l'acteur de terrain concerné d'explicitier les raisons pour lesquelles le recours à une technique donnée s'avère, suivant le cas, pertinent, utile, nécessaire ou, encore, proportionné. Elle vient souvent se greffer à d'autres exigences ou conditions telles que le respect des principes de proportionnalité et de subsidiarité. Ce faisant, la motivation peut parallèlement s'inscrire dans une logique de contrôle, en permettant notamment un examen *a posteriori* des choix posés par les acteurs de terrain. Elle peut également contribuer à asseoir la légitimité des pratiques des acteurs de terrain et, par répercussion, du système pénal.

Encore faut-il que cette exigence conserve un caractère effectif. Lorsque, notamment, la motivation se limite à des formules générales ou standardisées, détachées des circonstances propres à l'espèce, elle tend à perdre sa portée normative et sa fonction protectrice.

*** Dans la proposition de loi belge relative au prélèvement de masse, ce dernier doit, en principe, être effectué sur base volontaire. Ceci étant, à défaut de consentement des personnes concernées, le juge d'instruction peut décider de l'ordonner sous la contrainte. Pour ce faire, il doit le motiver spécialement, en faisant référence aux circonstances de l'affaire, à la nécessité de recourir à la contrainte et aux conséquences en cas de refus d'un individu de s'y soumettre. Par ailleurs, le juge d'instruction doit entendre toutes les personnes à l'égard desquelles il envisage le prélèvement sous contrainte.*

E. – Les axes vectoriels : Évaluation et comparaison des scénarios

082. - Les choix opérés par le législateur ont des conséquences plus ou moins importantes à différents niveaux – par exemple en termes de sécurité juridique ou de charge de travail pour les acteurs de la justice pénale. Ces incidences sont susceptibles d'être anticipées, et ce dans le sens où, dans une certaine mesure, elles peuvent faire l'objet d'une évaluation avant même l'adoption des dispositifs normatifs qui consacrent de tels choix.

Ces incidences sont aussi nombreuses que variées. Elles peuvent également être d'un poids plus ou moins important. Notamment pour ces raisons, leur anticipation dans le cadre d'un processus de régulation d'un domaine d'activités peut s'avérer particulièrement complexe. C'est généralement le cas pour ce qui est des questions étroitement liées au développement de nouvelles technologies, plus spécialement lorsque celles-là se traduisent par une mise sous tension des valeurs et principes considérés comme importants au niveau sociétal ou dans la sphère juridique – notamment les droits fondamentaux.

083. – Pour faciliter cet exercice d'anticipation complexe et en affiner les résultats, une forme de grille d'analyse peut être mise à disposition du législateur, lui permettant d'apprécier les conséquences qui pourraient résulter de chacun des choix qu'il envisage d'opérer. Celle constituée dans le cadre du présent projet se présente sous la forme d'une série de onze « axes vectoriels » – l'un d'entre eux par exemple renvoie à la plus ou moins grande « malléabilité » de la norme.

Ces axes vectoriels sont autant de critères jugés *a priori* pertinents par rapport à la question de la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale. Chacun de ces axes permet au législateur, pour un choix qu'il envisage d'opérer, d'en apprécier les conséquences sous un angle déterminé – par exemple celui du caractère « malléable » de la norme. Le recours de manière combinée à ces différents axes est évidemment de nature à produire une vue plus globale des conséquences liées à ce choix, et donc d'en apprécier à la fois la légitimité et l'opportunité.

La détermination de ces différents axes vectoriels procède d'une analyse d'un matériel propice à l'identification des critères pertinents pour l'évaluation de ce type de réglementation. Ce matériel se compose de plusieurs éléments dont la variété est de nature à favoriser la diversification des résultats. Il s'agit d'une analyse des « invariants juridiques », d'une étude stratégique et fonctionnelle de droit comparé ainsi que d'une série d'entretiens réalisés auprès d'acteurs de terrain concernés par la problématique – ces différents éléments ayant déjà été évoqués ci-avant.

084. – Étant donné l'objectif de déterminer un champ de scénarios possibles et le soin laissé au législateur d'opérer « souverainement » des choix en tenant compte de leurs incidences, les axes vectoriels sont présentés, pour autant que cela soit possible, de manière aussi « neutre » que possible. Leur dénomination repose *a priori* sur une double considération. Elle renvoie aux deux extrémités du *continuum* que constitue chacun de ces axes, et celles-ci sont évoquées en des termes qui ne sont pas négativement connotés. Ainsi, l'axe vectoriel visé ci-avant est dénommé « 'sécurité juridique' /

‘flexibilité normative’ ». L’usage de l’expression « insécurité juridique » eût ici constitué un biais majeur, d’autant plus lorsqu’il est appréhendé par le prisme des invariants juridiques.

Cette présentation des axes vectoriels sous une forme « neutre » n’est toutefois pas toujours possible. Cette situation résulte notamment de la circonstance que certains principes ou valeurs font largement consensus au niveau de la société ou du discours juridique, sans que ne puisse leur être opposés un contrepoint clairement identifié et connoté positivement – ou, à tout le moins pas de manière négative. C’est par exemple le cas de la temporalité de la justice pour laquelle tout un chacun s’accorde à ériger *a priori* en qualité sa célérité. Dans ces hypothèses, le continuum prend la forme d’une échelle, qui institue, tout du long, une hiérarchie entre ses extrémités.

Le recours à de tels axes vectoriels pour procéder à l’évaluation des choix à disposition du législateur permet d’affiner celle-ci. En effet, il est possible lors de cet exercice de positionner le curseur plus ou moins près de l’une ou de l’autre de leurs extrémités. Ainsi, lorsqu’on compare deux branches d’une alternative, il est non seulement possible de les situer l’une par rapport à l’autre, mais également d’apprécier la distance entre elles ou par rapport à une extrémité de l’axe vectoriel.

Ce type d’évaluation est appelé *a priori* à être réalisée, pour un même « point de décision » (qualifié de « nodal » par la suite), suivant plusieurs axes vectoriels – ce qui contribuera à donner une image plus globale des incidences liées aux options en concurrence. A ce niveau, il est plus que vraisemblable que seule une partie des critères s’avèrent pertinents. Dans ce même ordre d’idées, il y a lieu dans nombre d’hypothèses de pondérer entre eux les différents axes vectoriels retenus pour procéder à l’évaluation.

085. – Il convient également, pour apprécier un dispositif de régulation dans sa globalité, d’articuler entre eux les choix à opérer pour chacun des points nodaux. Il est des situations où, par exemple, une solution envisagée mette fortement sous tension un principe, tel celui de la présomption d’innocence, tout en la contenant dans des limites acceptables en prévoyant des garanties particulières au niveau procédural.

086. – Dans le cadre de la présente analyse, dix axes vectoriels différents sont identifiés pour apprécier les choix à opérer par le législateur au niveau de la réglementation de la technologie ADN en matière pénale.

E.1. - Droits de la défense vs droits de la victime et du citoyen

087. – Le recours à la technologie ADN en matière pénale met notamment sous tension les droits fondamentaux. Le constat est indiscutable pour la personne mise en cause. Il l’est également pour la victime, en droit d’exiger qu’une enquête soit menée avec diligence et, le cas échéant, d’obtenir la reconnaissance de sa qualité et la réparation de son préjudice. Cette mise sous tension des droits fondamentaux concerne encore d’autres personnes. L’on peut notamment mentionner des parents biologiques de l’individu dont le profil ADN est enregistré dans une banque de données ADN ou, encore, la personne à l’égard de qui toute suspicion est écartée dans une affaire pénale déterminée, mais qui a donné lieu à l’établissement de son profil ADN.

088. – Assurer le respect des droits fondamentaux dans l’utilisation des techniques d’exploitation de l’ADN implique un cadre normatif garantissant une mise en balance adéquate entre, d’une part, les droits de la défense — intégrité physique, vie privée et familiale, présomption d’innocence, non-discrimination — et, d’autre part, les droits et intérêts de la victime et du citoyen, au premier rang

desquels figurent la diligence de l'enquête pénale, l'efficacité de l'action publique et la sécurité collective.

Une utilisation non encadrée ou inadéquatement réglementée de ces techniques pourrait rompre cet équilibre : elle serait susceptible d'engendrer des atteintes injustifiées aux droits des personnes concernées, tout en compromettant la qualité ou la légitimité de l'enquête pénale attendue par les victimes et, plus largement, par la société.

Par exemple, pour garantir une atteinte minimale aux droits fondamentaux de la défense tout en préservant l'efficacité de l'enquête pénale, il est possible, entre autres, de limiter le recours à ces techniques à certains types d'infractions jugées particulièrement sensibles ou graves, telles que des infractions sexuelles ou terroristes. Un tel choix permettrait de contenir l'ingérence dans la sphère privée et familiale, tout en répondant à l'exigence — portée notamment par les victimes — que le système pénal mobilise les outils d'investigation pertinents dans les situations où l'enjeu sociétal est le plus élevé.

*** En ce qui concerne le phénotypage, les tensions apparaissent de manière significative. Du point de vue des droits de la défense, la production d'informations dérivées de l'ADN peut porter atteinte à la vie privée et familiale en révélant — pas nécessairement avec certitude — des éléments personnels que l'individu n'a pas choisi de divulguer — voire dont il n'a même pas connaissance. Toutes les informations pouvant être obtenues en recourant au phénotypage n'ont toutefois pas le même degré de sensibilité.*

Certaines données, telles que l'origine biogéographique ou l'estimation de l'âge, sont généralement considérées comme moins intrusives et, donc, comme davantage compatibles avec le respect des droits fondamentaux. En revanche, les informations touchant à la personnalité ou à la santé biomédicale (tempérament, comportement, intelligence, état de santé, etc.) sont perçues comme particulièrement sensibles. Leur utilisation constituerait une ingérence importante dans la vie privée et familiale et serait, pour beaucoup, jugée difficilement acceptable. Certains États interdisent d'ailleurs explicitement que de telles caractéristiques soient déduites à partir de l'ADN, considérant que la protection de la vie privée et familiale prime ici les nécessités de l'enquête pénale. C'est le cas, par exemple, de la Suisse, qui prohibe explicitement le recours à des analyses permettant d'inférer des éléments tels que le tempérament, le comportement, l'intelligence ou l'état de santé.

*** Dans le cadre de la recherche familiale, la mise sous tension des droits fondamentaux concerne plus particulièrement les personnes tierces. La technique peut conduire à impliquer dans une enquête pénale des individus qui ne sont liés au dossier que par une concordance génétique partielle avec l'individu recherché. Ces personnes, initialement étrangères à l'affaire, peuvent faire l'objet de vérifications ou d'actes d'enquête, ce qui affecte leur droit à la vie privée et familiale. Par ailleurs, notamment en droit belge, un individu sera identifié plus ou moins facilement selon que ses proches ont adopté un comportement déviant par le passé ou pas. Comme expliqué infra, cela peut entraîner un risque de stigmatisation et de discrimination envers des familles, des communautés ou des groupes déterminés.*

*** En matière de prélèvement de masse, les droits fondamentaux de la défense peuvent également être mis à l'épreuve. Pour les personnes prélevées, un encadrement strict est nécessaire, notamment pour ce qui concerne le critère de rattachement à l'enquête du groupe visé par cette opération. En effet, si la loi n'impose pas que les personnes prélevées disposent du statut de suspect ou qu'elles soient rattachées d'une quelconque manière à l'enquête, si une marge de manœuvre trop large est laissée aux acteurs de terrain, il existe un risque réel que certains groupes au sein de la population soient injustement ciblés ou de manière disproportionnée, sur la base de leur origine biogéographique, de leur appartenance sociale ou, encore, des représentations qui leur sont communément attachées au sein de la société. Une telle utilisation, fondée sur d'autres éléments que ceux issus de l'enquête pénale, serait de nature à porter atteinte au principe d'égalité et de non-discrimination, ainsi que d'alimenter ou de renforcer certaines formes de stigmatisation. Ainsi, la France et les Pays-Bas ont choisi de ne permettre l'organisation d'un*

prélèvement de masse qu'à l'égard de personnes ayant la qualité de suspect. Cette condition supprime ou, en tout cas, réduit le risque de « pêche à l'aveuglette » et, par répercussion, d'atteinte aux droits fondamentaux des personnes qui ne sont pas liées à l'enquête pénale par des éléments concrets.

*** Indépendamment de la technique envisagée — phénotypage, recherche familiale ou prélèvement de masse, les besoins et attentes de la victime et du citoyen se concentrent autour de plusieurs exigences fondamentales, parmi lesquelles : une enquête pénale menée avec diligence, l'efficacité des investigations, la sécurité publique, la fiabilité des résultats permettant d'identifier ou d'écarter rapidement des suspects.*

Notamment dans les affaires pénales d'une certaine gravité et où les investigations s'avèrent largement infructueuses, le recours à ces techniques accroît parfois la probabilité de voir l'enquête progresser, de répondre au besoin de vérité de la victime et du citoyen ou, encore, de renforcer la sécurité collective.

Aussi, des législateurs ont fait le choix d'encadrer strictement ces pratiques. Par exemple, en France comme aux Pays-Bas, le prélèvement de masse est limité aux seules personnes disposant du statut de suspect. Cette règle contribue à limiter les atteintes aux droits fondamentaux des personnes tierces, tout en favorisant la recherche d'informations concernant les personnes les plus susceptibles d'être impliquées dans les infractions faisant l'objet de l'enquête pénale.

E.2. - Acceptation sociale de la technologie ADN vs impératif de la production de la vérité factuelle

089. – La flexibilité du droit implique une adaptation relativement rapide et aisée du cadre normatif. Elle permet *a priori* une meilleure intégration au sein de ce dernier des avancées scientifiques et techniques et, par la même occasion, une plus grande satisfaction des acteurs de terrain, en permettant des adaptations répondant à leurs attentes et à leurs besoins. Elle se traduit de diverses manières. Il peut s'agir de l'utilisation de catégories juridiques très larges et aux contours incertains, de la reconnaissance d'une marge de manœuvre importante aux acteurs de terrain ou, encore, de la mise en place de dispositifs particuliers – par exemple des comités d'experts qui peuvent modifier, compléter ou préciser le cadre normatif. La flexibilité du droit peut être opposée à la sécurité juridique. Celle-ci suppose que les principes et règles applicables dans un domaine d'activités déterminé soient claires, pérennes et prévisibles. Ces qualités sont de nature à permettre aux citoyens de connaître avec précision et certitude la nature et la portée de leurs droits et de leurs obligations. Dans cette mesure, cette exigence de sécurité juridique contribue à la confiance dans le système pénal, en garantissant une application cohérente et compréhensible du droit.

*** En matière de phénotypage, la Suisse a opéré un compromis entre sécurité juridique et flexibilité normative, notamment en permettant une prise en compte « souple » des progrès scientifiques et techniques. En effet, le législateur a adopté une liste exhaustive de caractéristiques morphologiques apparentes pouvant être définies par cette technique, tout en permettant au Conseil fédéral d'en ajouter de nouvelles – sans donc modifier la loi.*

*** En matière de prélèvement de masse, le cadre juridique français est interprété avec une grande souplesse par les acteurs de terrain, en ce compris au niveau du contrôle du respect de la norme. En effet, il permet le recours à cette technique sur base d'une disposition qui ne l'autorise pas explicitement (et qui ne répond pas entièrement aux conditions de son utilisation). Toutefois, de ce fait, il n'existe pas de principes et de règles stables, claires et prévisibles pour encadrer le prélèvement de masse. En conséquence, il existe un certain « flou juridique » qui nuit à la prévisibilité de la norme, fragilise la légitimité de la pratique et alimente les risques d'inégalité dans sa mise en œuvre. Ce manque de balises normatives claires rend également difficile le contrôle de légalité et de proportionnalité, notamment – pourtant essentiel pour l'encadrement d'une technique intrusive au regard des droits fondamentaux.*

E.3. - Acceptation sociale de la technologie ADN vs impératif de la production de la vérité factuelle

090 – De manière générale, la norme peut faire l’objet d’une acceptation sociale plus ou moins grande. Celle-ci désigne le degré d’adhésion de l’individu à la règle ou, pour le dire autrement, sa réception par le citoyen. Elle ne se confond donc pas avec son efficacité sur le terrain. Celle-ci désigne sa capacité à atteindre au travers de sa mise en œuvre l’objectif qui est le sien – *in specie* la production de données ADN susceptibles de contribuer à la résolution d’affaires pénales déterminées. Dans cette hypothèse-ci, la norme est appréhendée au prisme de sa capacité à établir ou non la vérité factuelle de certains faits.

091. – Cette question de l’acceptation sociale se pose tant au niveau de l’élaboration de la norme et de son adoption, qu’à celui de sa mise en œuvre. Le premier volet rejoint en partie les considérations portant sur un autre axe vectoriel, celui de la construction sociétale ou technoscientifique de la norme. Pour ce qui est de la mise en œuvre, l’acceptation sociale de la norme est à géométrie variable. Au-delà des différences entre personnes, cette question reçoit souvent des réponses différentes suivant le point nodal de la régulation qui est envisagé – par exemple le matériel biologique prélevé ou le type de données ADN produites.

Il y a un certain nombre de règles et de pratiques qui tendent à renforcer cette tension entre l’acceptation sociale du recours à la technologie et l’impératif de production de la vérité factuelle dans une enquête pénale déterminée. C’est notamment la question du prélèvement sous la contrainte, celle du prélèvement de masse ou, encore, celle de l’enregistrement de profils ADN qui permettent l’identification ultérieure de parents biologiques de la personne initialement mise en cause.

La tension qui existe entre ces deux pôles ne se limite pas à une règle ou à une pratique déterminée, ni ne se cantonne à des affaires pénales précises. S’ancrant par rapport à une question particulière, elle peut se répercuter à d’autres niveaux. Ainsi, une technique qui générerait une très forte opposition pourrait éventuellement être de nature à favoriser une résistance élevée de la société ou d’une partie de celle-ci envers le recours à la technologie ADN dans son ensemble, voire une méfiance vis-à-vis de la justice pénale.

*** Dans le cas du prélèvement de masse, l’acceptabilité sociale de la technologie dépend largement de ses conditions concrètes d’application. Lorsqu’elle est mise en œuvre sur la base du consentement éclairé et libre des personnes concernées, le recours à cette technologie tend à faire l’objet d’une réception plus favorable au sein de la population. À l’inverse, son utilisation systématique ou répétée, sans possibilité réelle de refus ou de contestation, peut susciter une méfiance accrue, voire une opposition marquée. Une telle résistance, fondée sur un sentiment de contrainte ou d’injustice, est susceptible de freiner l’intégration de cette technologie dans les pratiques policières et judiciaires, et ainsi de nuire à son efficacité à long terme dans la production de la vérité factuelle.*

*** De manière similaire, le recours régulier à la technique du phénotypage pourrait se heurter à de fortes résistances au sein de la société, plus spécialement s’il s’agit d’obtenir des données particulièrement sensibles telles que des traits de personnalité ou des prédispositions à des maladies – et ce, même si cet usage de la technologie ADN peut dans certaines affaires pénales faciliter grandement leur résolution. Dans un contexte marqué par un souci particulier pour la question de la protection des données personnelles et une méfiance certaine à l’encontre des formes de surveillance portant sur la dimension biologique des individus, un assouplissement conséquent des règles encadrant le recours à la technique du phénotypage — même scientifiquement justifiée — est de nature à susciter une opposition citoyenne plus ou moins forte.*

E.4. - Construction « sociétale » de la norme vs construction « techno-scientifique » de la norme

092. – La régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale présente cette double caractéristique de comporter des aspects très techniques, tout en mettant fortement sous tension certains droits fondamentaux. Le mode de production de la norme soulève des enjeux particuliers dans ce contexte.

093. – L'on peut, pour en rendre compte, opposer deux dispositifs-types de « construction de la norme » – l'un qualifié de « sociétal » et l'autre de « techno-scientifique ». Dans le premier cas, la norme est élaborée et adoptée par des acteurs de la société civile, qui n'ont pas forcément d'expertise en la matière. Il peut notamment s'agir du Parlement, dont les membres, démocratiquement élus par les citoyens, sont supposés représenter la Nation. Dans la seconde hypothèse, ce sont des experts, notamment en sciences juridiques et forensiques, qui sont en charge de la construction de la norme.

094. – Le choix de l'un ou de l'autre de ces dispositifs n'est pas sans incidence. Notamment, l'on aura tendance à reconnaître une plus grande légitimité démocratique à la norme élaborée en s'appuyant sur un dispositif du premier type ou, à tout le moins, l'on favorisera une plus grande acceptation de celle-ci. En revanche, le second type de dispositif conduit *a priori* à la production de normes qui sont davantage en phase avec les attentes et les besoins des acteurs de terrain – et sans doute aussi plus techniques. Les possibilités et contraintes pour la mise en place de l'un ou de l'autre de ces dispositifs types ne sont pas non plus, en principe, les mêmes.

095. – Ceci étant, il est possible de combiner ces dispositifs de construction de la norme ou, à tout le moins, de les moduler de manière à compenser ce qui leur fait défaut.

*** Par exemple, un comité d'experts peut compter en son sein des personnes de la société civile, tout comme un cabinet ministériel peut solliciter des avis auprès d'experts en sciences juridiques, criminologiques et forensiques. L'articulation entre ces dispositifs de production de la norme peut également prendre la forme d'un enchâssement. C'est notamment ce qui se produit lorsqu'un parlement habilite un organe constitué par ses soins, par exemple pour élaborer ou valider des normes « techniques ».*

E.5. - Spécificité des dispositifs de régulation vs intégration des dispositifs de régulation

096. – La régulation d'un domaine d'activités peut se faire par le biais d'un dispositif *ad hoc*, c'est-à-dire qui lui est spécifique, ou, au contraire, cet ensemble de pratiques peut se voir appliquer un régime juridique plus large, qui les englobe avec d'autres. La première approche permet de retenir des solutions qui tiennent compte des spécificités des pratiques, notamment pour ce qui est des droits fondamentaux que celles-ci mettent sous tension. Quant à la seconde, elle tend *a priori* vers une plus grande simplicité du cadre normatif dans lequel évoluent les acteurs de terrain – ce qui peut contribuer à une plus grande transparence et à une meilleure compréhension de l'organisation du système pénal et de son fonctionnement.

097. – Cette différence d'approche peut se manifester à d'autres niveaux que celui des règles applicables par les acteurs de terrain. On la retrouve également sur le plan de la construction de la norme ainsi que sur celui du contrôle de sa mise en œuvre par les acteurs de terrain.

*** À cet égard, le cadre belge offre une illustration éclairante d'une articulation entre dispositifs spécifiques et dispositifs intégrés. D'une part, le législateur a institué une commission d'évaluation en matière d'analyse ADN, chargée de rendre au Ministre de la justice des avis sur des questions de nature scientifique et technique liées à l'exploitation de l'ADN en matière pénale. Ce choix traduit une logique de spécialisation, en confiant à un organe *ad hoc* l'examen de problématiques nécessitant une expertise*

pointue et évolutive. D'autre part, le contrôle juridictionnel des conséquences procédurales du recours à la technologie ADN, notamment pour ce qui est de l'éventuelle nullité des éléments de preuve produit en y recourant, relève du droit commun de la procédure pénale – la chambre du conseil et la chambre des mises en accusation étant, dans bon nombre d'hypothèses, les juridictions compétentes. Cette répartition illustre une approche hybride, dans laquelle certaines fonctions d'expertise sont spécialisées alors que le contrôle de la régularité procédurale et des atteintes aux droits fondamentaux reste largement inscrit dans les mécanismes généraux du système pénal, assurant ainsi une cohérence d'ensemble et évitant la multiplication d'instances exerçant des fonctions spécifiques.

E.6. - Latitude opérationnelle vs encadrement opérationnel

098. – Les pratiques des acteurs de terrain peuvent être régulées de manière plus ou moins contraignante. Pour le dire autrement, le cadre juridique détermine le degré de latitude qui leur est laissée dans la détermination de leurs activités et la réalisation de ces dernières.

099. – De manière générale, le degré d'encadrement opérationnel retenu par le cadre juridique détermine la latitude laissée aux acteurs de terrain dans la conduite de leurs activités. Un encadrement opérationnel plus exigeant ou « dense » ne se limite pas à fixer des conditions d'accès à une technique : il peut également déterminer, concrètement, qui décide, suivant quelle procédure, à quelles conditions, pour quels motifs et avec quels dispositifs de contrôle. Ce type d'architecture tend à réduire la marge de manœuvre immédiate des acteurs du système pénal, mais contribue en contrepartie à accroître la transparence, la prévisibilité et la cohérence des pratiques, renforçant ainsi la légitimité du système pénal et de ses acteurs.

À l'inverse, une plus grande latitude opérationnelle, reposant davantage sur l'appréciation des acteurs de terrain directement impliqués, facilite l'adaptation aux contextes concrets d'intervention et peut favoriser une plus grande efficacité opérationnelle, notamment par une réactivité accrue et une ouverture plus aisée aux innovations technologiques. Elle s'accompagne toutefois d'un risque plus élevé de pratiques hétérogènes et plus difficiles à contrôler.

*** Par exemple, en matière de recherche en parentèle, la Suisse a opté pour un cadre normatif relativement souple, en habilitant le Conseil fédéral à édicter « des dispositions d'exécution réglant notamment la recherche en parentèle ». Ce choix traduit une volonté de ne pas figer de manière exhaustive, au niveau législatif, les modalités opérationnelles de la technique. Une telle délégation permet d'ajuster les règles d'exécution aux pratiques concrètes des acteurs de terrain et de les faire évoluer au rythme des innovations scientifiques et techniques. Elle offre ainsi une latitude opérationnelle indirecte, en ce sens que les autorités compétentes peuvent adapter les modalités de mise en œuvre de ce type de techniques, sans nécessairement réformer la loi applicable.*

*** La proposition de loi belge relative au prélèvement de masse illustre un encadrement opérationnel exigeant à plusieurs niveaux. D'une part, elle confie la décision à une autorité judiciaire déterminée (le juge d'instruction) et subordonne le recours effectif à la mesure à une « séquence » procédurale (notamment l'audition des personnes ayant refusé le prélèvement volontaire). D'autre part, elle impose une motivation spécifique portant sur les circonstances de l'affaire et sur la nécessité du recours à cette technique. Ces exigences réduisent la marge de manœuvre immédiate des enquêteurs, mais visent à rendre l'usage de la mesure à la fois plus traçable et plus légitime.*

En revanche, cet encadrement ne va pas jusqu'à instaurer un contrôle externe ex ante distinct de l'autorité décisionnelle. La décision et le premier contrôle restent concentrés entre les mains du juge d'instruction, ce qui maintient une organisation relativement "simple" du point de vue

institutionnel, mais limite la pluralisation des regards au moment de l'autorisation. Un contrôle a posteriori demeure possible via les voies de recours devant les juridictions compétentes ; il intervient toutefois après la réalisation de cette opération et n'équivaut pas à un mécanisme de validation préalable indépendant. L'exemple montre ainsi qu'un même dispositif peut combiner, dans des proportions variables, des éléments d'encadrement (procédure, motivation) et des éléments de latitude (absence d'organe de contrôle ex ante), avec des effets directs sur la transparence, la prévisibilité et la cohérence opérationnelle.

E.7. - Spectre informatif large vs haute résolution informative

100. – Les techniques ADN en matière pénale sont susceptibles de fournir des données d'une grande variété. Celle-ci tient notamment au degré de résolution de l'information. Ce dernier repose sur différents facteurs parmi lesquels la pertinence de l'information par rapport à une affaire pénale déterminée, sa capacité discriminante et sa fiabilité sur le plan scientifique. Ce degré de résolution peut également constituer, directement ou non, un critère de régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale. Ainsi, un législateur peut exclure l'utilisation de certains matériels biologiques ou techniques d'enquête au motif que leur exploitation ne permet pas *a priori* de produire des données qui répondent aux exigences qu'il fixe. Il peut également limiter le recours à la technologie ADN en matière pénale uniquement à des fins d'identification directe de personnes et non d'orientation des investigations.

L'on peut opposer à la résolution informative la notion de spectre informatif, qui désigne l'ensemble des données produites ou susceptibles de l'être à l'occasion d'une enquête pénale déterminée – la quantité étant ici privilégiée à la qualité. Une information de faible résolution informative n'est pas pour autant sans intérêt dans le cadre d'une investigation. Ainsi, elle peut constituer l'un des rares éléments à disposition des acteurs de terrain ou, couplée à d'autres, permettre la production de nouvelles informations, éventuellement déterminantes pour la manifestation de la vérité factuelle.

*** Un encadrement rigoureux et évolutif de la technique de recherche familiale illustre de manière particulièrement éclairante la tension entre le spectre informatif et la résolution informative.*

En limitant, par exemple, la recherche familiale à un degré de parenté restreint (parents, enfants, membres de la fratrie, par exemple), le cadre normatif privilégie un haut niveau de fiabilité scientifique des résultats, renforçant ainsi leur valeur probante dans des contextes policier et judiciaire. À l'inverse, une extension plus large du périmètre de la recherche familiale accroît le volume d'informations produites, mais au prix d'une diminution de leur capacité discriminante et d'un risque accru de faux positifs.

Cette tension se manifeste de manière concrète dans le dispositif belge encadrant la recherche familiale, qui se déploie en deux étapes : une première comparaison autosomale visant à identifier des concordances partielles, suivie, de manière facultative, d'une vérification du lien de parenté par l'analyse des marqueurs de lignée. Se limiter à la première étape, sans corroboration par les marqueurs de lignée, donne lieu à la production de données ayant un large spectre informatif – des vérifications supplémentaires étant nécessaires pour éliminer le grand nombre de faux positifs générés par ce type de recherche. L'analyse complémentaire basée sur les marqueurs de lignée permet, au contraire, d'augmenter sensiblement la résolution informative des résultats. À cet égard, les marqueurs Y-STR permettent d'affirmer ou d'infirmer l'appartenance à une même lignée paternelle masculine avec un degré élevé de certitude, tandis que l'ADN mitochondrial, bien que plus inclusif en termes de sexe, présente un pouvoir discriminant nettement plus faible. Ces différences illustrent que toutes les informations génétiques ne présentent pas la même valeur probante, et que le choix des techniques

employées conditionne directement la qualité des données produites ainsi que celui de leur cadre juridique.

*** Cette tension entre spectre informatif et résolution informative se retrouve également dans le recours au phénotypage. Les données produites en usant de cette technique sont de nature probabiliste, avec des degrés de fiabilité variables selon les caractéristiques analysées. Si certaines informations, telles que la couleur des yeux ou des cheveux, présentent un niveau de précision relativement élevé, d'autres, comme celles relatives à la taille, à la corpulence ou à l'âge, demeurent marquées par une incertitude significative. Cette hétérogénéité limite la capacité discriminante des résultats et, partant, leur valeur probante. En ce sens, ces données ont un spectre informatif relativement large, en ce qu'elles fournissent des indications variées susceptibles d'orienter l'enquête pénale, mais caractérisé par une résolution informative limitée.*

*** Cet exemple met en évidence que l'élargissement du champ des informations produites en recourant à la technologie ADN ne s'accompagne pas nécessairement d'une augmentation corrélative de la précision des données ainsi obtenues ou de leur fiabilité. Il illustre, au contraire, l'arbitrage que le législateur est amené à faire entre la production d'un volume important d'informations et la recherche d'une résolution informative suffisante pour satisfaire aux exigences de fiabilité scientifique et de valeur probante dans le cadre pénal.*

E.8. - Innovation scientifique vs robustesse scientifique

101. – Un dispositif juridique ou certains de ses principes ou règles peuvent être plus ou moins ouverts à l'usage de techniques nouvelles ou, au contraire, y faire obstacle. Ils privilégient généralement dans cette dernière hypothèse la robustesse scientifique, c'est-à-dire le recours premier ou exclusif à des techniques dont la validité et la fiabilité sont scientifiquement bien établies.

102. – Cette différence recoupe pour partie les distinctions opérées au niveau de l'axe vectoriel qui oppose le spectre informatif et la résolution informative, sans se confondre avec lui. Il s'agit davantage ici de rester sur le plan de la solidité scientifique ou, pour le dire autrement, de son caractère peu ou pas contestable. Cette question peut dépasser ce seul niveau pour venir en alimenter d'autres, notamment celle qui porte sur le respect des droits fondamentaux – tant des personnes mises en cause pénalement que des autres.

103. – Dans cette perspective, un cadre juridique souple et évolutif, capable d'intégrer progressivement les avancées scientifiques et technologiques, peut agir comme un levier pour l'innovation. En laissant une marge d'adaptation pour ce qui est des pratiques d'ordre technique, il favorise la recherche et l'expérimentation, et permet une meilleure adéquation entre les réalités juridiques et scientifiques. À l'inverse, un cadre juridique excessivement rigide ou cadenassé peut constituer un frein à l'innovation, en limitant l'appropriation par les acteurs de terrain de techniques émergentes ou en décourageant les initiatives novatrices dans ce domaine, avec le risque de voir apparaître un décalage entre la norme et les pratiques, voire le développement d'usages non encadrés par le droit ou situés dans certaines de ses zones grises.

*** À cet égard, le droit belge ne précise pas les techniques scientifiques devant être utilisées pour l'exploitation de l'ADN en matière pénale, laissant aux acteurs scientifiques une marge d'appréciation importante leur permettant d'adapter les méthodes employées aux évolutions scientifiques. Par ailleurs, le législateur admet explicitement l'utilisation du contenu des banques de données ADN afin de valider scientifiquement de nouvelles techniques d'analyse, ce qui permet d'organiser l'exploitation du dispositif pénal lui-même, pour son propre perfectionnement, et ce, dans un cadre juridique flexible.*

E.9. - Standardisation des pratiques vs spécification des pratiques

104. – Les pratiques, en ce compris les techniques ADN et leur utilisation, peuvent faire l’objet d’une forme de standardisation plus ou moins poussée, notamment par l’établissement et l’usage de protocoles.

Une plus grande standardisation peut avoir différents impacts, susceptibles de varier suivant les pratiques ou leurs contextes. Elle peut notamment favoriser davantage de transparence et de cohérence au niveau des pratiques, favoriser leur intégration dans les procédures existantes, faciliter la formation des acteurs de terrain et la coordination de leurs missions, ou contribuer à renforcer la solidité scientifique des résultats obtenus et leur force probante en justice. Elle peut également participer d’une logique de maîtrise au sens large des coûts.

Toutefois, une standardisation trop rigide ou systématique peut nuire ou faire obstacle à la prise en compte des spécificités propres à chaque affaire. Notamment, le recours à des protocoles ou à des motivations stéréotypées peut réduire l’individualisation des décisions et affaiblir la pertinence du contrôle concret exercé sur le recours aux techniques ADN. Elle peut également constituer un frein à l’innovation au niveau technique ou à la créativité des acteurs de terrain, ce qui peut notamment être un vecteur de frustration dans leur chef.

E.10. - Temporalité de la justice pénale

105. – Tant l’enquête pénale que le procès pénal doivent se dérouler dans un délai raisonnable. De manière générale, l’on s’accorde sur le fait que la justice doit être idéalement rendue dans une temporalité « resserrée » – pour autant que cela ne le soit pas de façon expéditive ou au préjudice des droits fondamentaux, notamment ceux des personnes mises en cause.

106. – Dans ce cadre, le recours à la technologie ADN constitue *a priori* un outil susceptible de rendre plus rapide la phase d’enquête pénale et plus aisée la production de la vérité judiciaire. Un certain nombre d’affaires seront traitées dans un délai plus court et plus efficacement si les acteurs de terrain disposent de données précises, pertinentes et exploitables en justice. Ce n’est toutefois pas nécessairement le cas. La production d’informations faiblement discriminantes, trop nombreuses ou peu fiables peut, par exemple, ralentir la procédure ou donner lieu à la contestation de résultats d’expertise. Parallèlement, certaines techniques ADN requièrent un certain délai pour leur mise en œuvre – le cas échéant en raison des garanties ou autres modalités procédurales prévues pour y recourir.

*** La question de la temporalité se pose de manière particulièrement éclairante lorsqu’un cadre normatif impose un couplage entre différentes techniques ADN. Ainsi, en Allemagne, la recherche familiale ne peut être mobilisée qu’en complément d’un prélèvement de masse.*

Dans une logique de gradation des moyens d’enquête, la combinaison séquentielle du prélèvement de masse et de la recherche familiale peut, dans certaines hypothèses, accélérer le traitement judiciaire. Lorsque le prélèvement de masse n’a pas permis d’identifier directement l’auteur, mais a généré des correspondances partielles exploitables, la recherche familiale peut intervenir comme un outil de resserrement du champ d’investigation. L’enchaînement des techniques permet alors de capitaliser sur les résultats déjà obtenus, plutôt que de repartir de zéro, et peut contribuer à une accélération ciblée de l’enquête.

À l’inverse, subordonner systématiquement l’autorisation d’une recherche familiale à la réalisation préalable d’un prélèvement de masse est susceptible de retarder inutilement l’enquête pénale, en

particulier lorsqu'il existe déjà des banques de données ADN susceptibles de contenir des profils ADN de parents biologiques. Dans ce cas, cette exigence préalable fonctionne comme un obstacle procédural, allongeant les délais et mobilisant des ressources humaines et matérielles, alors même qu'une recherche familiale aurait pu, à elle seule, orienter efficacement l'enquête.

E.11. - Coûts de diverses natures

107. – Les choix que le législateur envisage d'opérer ont également des coûts au sens large, qui doivent être anticipés. Ce dernier exercice est particulièrement complexe à réaliser. Cela tient notamment à la diversité des coûts. Ils sont de nature budgétaire, mais pas seulement. Certains choix impactent d'autres ressources, par exemple le temps dont disposent les acteurs de terrain pour réaliser leurs missions. Cet élément de réflexion conduit également à attirer l'attention sur les coûts indirects ou cachés du recours à la technologie ADN en matière pénale, qui peuvent être importants (formation du personnel, mise en place de procédures particulières, etc.). Le calcul des coûts doit aussi tenir compte, idéalement, des effets de masse. Ainsi, dans certains cas, l'efficacité d'une technique ADN déterminée au niveau de l'enquête pénale est fonction du nombre de profils ADN enregistrés dans les banques de données ADN. La performance de l'outil tient donc en partie à l'investissement plus ou moins important consenti dans l'ensemble des affaires pénales.

*** À titre illustratif, le recours à la recherche familiale peut, dans certaines configurations, générer des gains significatifs sur le plan de l'efficacité des enquêtes pénales et de la rapidité au niveau des prises de décision, en concentrant les ressources sur des pistes plus ciblées. Toutefois, lorsque les résultats produits sont trop nombreux ou insuffisamment discriminants, cette technique peut au contraire entraîner une surcharge en termes de travail humain et d'ordre financier, liée aux vérifications multiples qu'elle impose.*

*** En Belgique, l'analyse des marqueurs de lignée demeure facultative et subsidiaire, notamment en raison du coût qu'elle implique. Elle requiert une mobilisation spécifique des acteurs de terrain, le recours à des techniques génétiques particulières, l'enregistrement de profils ADN Y-STR ou ADNmt, ainsi qu'un travail accru de comparaison et d'interprétation. Un recours systématique à ce type d'analyses risquerait dès lors d'alourdir sensiblement les procédures judiciaires, tant en termes de temps qu'au niveau du budget. En revanche, il permettrait de confirmer ou d'infirmer rapidement un lien de parenté potentiel, découvert lors de la comparaison autosomale, évitant ainsi des actes d'enquête pénale plus intrusifs sur des personnes étrangères aux investigations. Ce faisant, ce type de techniques ADN peut contribuer à limiter les atteintes aux droits fondamentaux de ces individus en recentrant l'enquête pénale sur les pistes les plus probantes.*

*** Un raisonnement comparable peut être tenu à propos du phénotypage. Dans l'hypothèse où les enquêteurs pourraient y recourir sans exigence de subsidiarité ni mécanisme de contrôle spécifique, il existe un risque réel d'un usage routinier et standardisé de cette technique. Une telle utilisation systématique, outre le coût financier qu'elle représente (analyses, expertises, interprétation des résultats), pourrait générer une charge de travail supplémentaire pour les acteurs de terrain sans garantir une efficacité proportionnée dans la résolution des affaires. Dans cette perspective, l'enjeu pour le législateur consiste à éviter que le phénotypage ne devienne un outil mobilisé par réflexe opérationnel ou par défaut, au détriment d'une évaluation pondérée de son utilité concrète et des ressources nécessaires à cet effet.*

F. – Les difficultés, les limites et les potentialités de la mise en scénarios

108. – Plusieurs éléments doivent être pointés au terme de l'exercice de conceptualisation du présent outil de mise en scénarios et de sa réalisation. Ils concernent les difficultés rencontrées dans cette

entreprise (G.1.) ainsi que les potentialités (G.3.) et les limites d'un tel outil (G.2.). L'on note que ces observations conclusives valent également, au moins pour certaines d'entre elles, pour les autres phases de recherche du WP 4. Le présent propos n'a pas prétention, par ailleurs, à être exhaustif.

F.1. - Les difficultés

109. – La conceptualisation de l'instrument de mise en scénarios et sa réalisation ont donné lieu à des difficultés de plusieurs ordres. La première qu'il convient de pointer est la complexité de la thématique du recours à la technologie ADN en matière pénale. À ce niveau, il convient de souligner plus spécialement deux points, qui se renforcent l'un l'autre. L'un est le caractère interdisciplinaire de la question. L'on doit notamment mentionner la procédure pénale, la génétique humaine et les sciences forensiques. L'autre élément est celui, dans chacune de ces disciplines, du degré élevé de technicité.

110. – Cette complexité de la thématique vient amplifier d'autres difficultés liées à l'objet même de l'instrument, à savoir sa nature didactique. En effet, cet instrument est destiné au législateur qui ne dispose pas *a priori* de connaissances particulières dans ces différentes disciplines, ce qui rend un effort de vulgarisation plus que nécessaire. Ce dernier l'est d'autant plus que l'enjeu ne se limite à pas comprendre la thématique, mais à anticiper et à comparer les incidences liées à différents scénarios de régulation.

La dernière difficulté que l'on pointe à ce niveau est également liée à la nature de l'instrument de mise en scénarios, cette fois à sa dimension « politique ». Il vise en effet à créer un espace au législateur pour lui permettre de mener des expériences de pensée en vue d'optimiser, au travers de la régulation, le recours à la technologie ADN en matière pénale. Au-delà des difficultés liées à toute entreprise de description « neutre », celle-ci s'avère particulièrement périlleuse lorsqu'elle porte sur une « réalité normative » – ou le « devoir-être » à la fois se superpose et se confond à l'« être » ou, pour le dire autrement, aux multiples « réalités de terrain ».

F.2. - Les limites

111. – Cet instrument de mise en carte présente des limites plus ou moins importantes. Certaines d'entre elles peuvent toutefois être dépassées ou contournées, peu ou prou.

112. – Tant l'élaboration que la réforme d'un dispositif juridique prennent nécessairement place dans un discours juridique plus large, qui est jusqu'à un certain point structurant. Il en résulte que l'instrument de mise en scénarios ne peut être mobilisé que dans certaines limites, ou, à tout le moins, que la portée de ses résultats s'en trouve conditionnée.

De manière aussi sommaire que partielle, cette question peut être abordée sous deux angles d'approche différents – ceux-ci ne s'excluant pas mutuellement. S'inscrivant davantage dans une perspective diachronique, le premier est ce que l'on pourrait appeler le « poids de la généalogie ». L'élaboration d'un dispositif juridique ou sa réforme ne peut faire abstraction des réalités juridiques ou autres dans lesquelles s'inscrit ce processus. Par exemple, l'organisation et le fonctionnement des banques de données ADN en matière pénale, dont la remise en cause de leur encadrement juridique est *a priori* difficilement concevable, conditionnent pour partie l'usage susceptible d'être fait et autorisé des techniques ADN. Un autre angle d'approche est celui de la cohérence entre le dispositif juridique en phase d'élaboration ou de réforme et les réalités dans lesquelles il est appelé à s'insérer. Ce souci, qui est *de facto* bien souvent une nécessité, tend à limiter les choix du législateur. Ainsi, on

n'imagine qu'avec peine que les règles applicables au juge d'instruction en matière d'ADN soient radicalement différentes de ses autres prérogatives dans le cadre de l'instruction.

113. – La mobilisation de l'instrument de mise en scénarios suppose d'apprécier un certain nombre de choix à opérer par le législateur, et ce, au regard des critères sous-tendant les différents axes vectoriels d'étalonnage. Cette entreprise risque de s'avérer très souvent, au moins dans une certaine mesure, discrétionnaire – voire arbitraire dans certains cas. Il est par exemple ardu, si ce n'est impossible, d'anticiper concrètement les incidences liées au fait de subordonner certains actes à une exigence de motivation spécifique. La littérature sur ce point demeure pauvre, et sa transposition dans un contexte particulier constitue une entreprise assez incertaine. Par ailleurs, certaines appréciations s'apparentent, au moins dans une certaine mesure, à des jugements de valeur. C'est notamment le cas lorsqu'il y a lieu de déterminer le degré de mise sous tension, pour une option déterminée, des droits humains tels que les principes de la présomption d'innocence ou du contradictoire. Cette limite de l'instrument de mise en scénarios est d'autant plus importante que son emploi implique un nombre conséquent d'appréciations de cet ordre, et que l'on ne peut exclure des effets de levier plus ou moins importants lorsque le législateur met en série les différents choix qu'il lui revient de poser.

114. – Toute réflexion est sous-tendue par un certain nombre d'idées préconçues par rapport auxquelles il y a lieu de prendre distance – ce qui n'est pas forcément chose aisée. Pour le dire autrement, les discours mobilisés dans une entreprise de régulation – qu'ils soient juridiques, forensiques ou autres – sont plus ou moins fortement marqués par une série de « narratifs » qu'il convient de questionner – voire de relativiser ou d'écarter. Cette entreprise s'avère plus que probablement d'autant plus nécessaire lorsqu'il s'agit de réguler le recours à une technologie à fort potentiel d'innovation dans le domaine pénal.

Un exemple parmi d'autres est celui de la distinction entre l'ADN codant et l'ADN non-codant, qui constituait dans la loi du 22 mars 1999 un jalon important dans la délimitation du « permis » et de l'« interdit ». Cette différenciation au niveau de l'élément génétique reposait sur une certaine vision de ce dernier, notamment qu'il constituerait en quelque sorte l'« essence » de l'être humain ou qu'à la manière d'un « code » ou d'un « programme », il présiderait plus ou moins largement à la destinée de la personne. Dans cet exemple, le narratif idéologiquement marqué constitue un point de résistance que le législateur doit prendre en compte, d'une manière ou d'une autre, lorsqu'il élabore ou réforme un dispositif juridique. Plus largement, l'on peut postuler que, dans une certaine mesure, ces narratifs idéologiquement marqués fonctionnent comme autant de points d'attention, qui tendent à cristalliser ou à absorber les efforts d'anticipation du législateur. Ceci s'observe notamment lorsqu'un principe ou une règle est consacré dans le discours juridique pour quelques cas particuliers et que, par la suite, le législateur l'étend à une multitude d'autres hypothèses – souvent sans se justifier outre mesure. Cela peut être le cas par exemple de listes qui déterminent les infractions pour lesquelles il est possible ou obligatoire de procéder à l'enregistrement de profils ADN dans une banque de données ADN. De manière assez similaire, l'on peut mettre en avant le recours à des concepts ou principes qui, au niveau du discours juridique, ont une grande force opératoire, mais sans avoir en soi de réelle valeur discriminante pour ce qui est de la distinction entre le « permis » et l'« interdit ». C'est le cas notamment de la notion de « dignité » ou de « vie privée ».

115. – L'élaboration d'un dispositif juridique ou sa réforme n'implique pas en soi que sa mise en œuvre soit automatique. Son degré d'actualisation dépend plus ou moins fortement d'une série de variables « exogènes » – ou, pour le dire autrement, de facteurs étrangers au discours juridique lui-même. Il peut s'agir de la disponibilité des moyens nécessaires, mais également d'autres variables telles que la motivation des acteurs de terrain ou leurs compétences quant à l'intégration des règles nouvelles dans leurs pratiques. Ainsi, la qualité du travail fourni par un comité *ad hoc* d'évaluation d'une législation et

de sa mise en œuvre est notamment fonction – on peut le formuler à titre d’hypothèse – de sa composition, de la disponibilité de ses membres, de leur intérêt respectif à être associés à une telle entreprise ainsi qu’aux objectifs que cette structure se donne dans l’accomplissement de ses missions. À l’inverse, l’implémentation de certaines règles ne pose pas de difficultés majeures, par exemple celles déterminant les infractions pour lesquelles le recours à la technologie ADN est autorisé en matière pénale ou *a priori* la liste des kits ADN susceptibles d’être utilisés dans le cadre de l’enquête pénale. Si, certes, cette question est prise en compte de manière générale dans l’instrument de mise en scénarios, elle revêt souvent une importance majeure en pratique, tout en échappant largement aux efforts d’anticipation – alors que ces derniers se trouvent au cœur de la démarche d’évaluation.

F.3. - Les potentialités

116. – Par-delà ses limites, l’instrument de mise en scénarios présente un potentiel plus important ou, en tout cas, plus large que celui envisagé au début de la recherche. Plusieurs aspects gagnent ici à être distingués.

117. – L’instrument de mise en scénarios est initialement pensé comme une sorte de « matrice réflexive » pour l’élaboration de dispositifs juridiques dédiés à la régulation du recours à la technologie ADN en matière pénale. Si une réforme de la loi belge du 22 mars 1999 constituait *a priori* l’objet tout indiqué pour la mise en œuvre de cet outil, ce dernier n’a jamais été envisagé pour cette seule application, loin s’en faut. Aussi, cet instrument pourra être mobilisé pour d’autres réformes, qui semblent inévitables vu la stratégie élaborée par le ministre de la Justice et reprise à son compte par le Parlement – à savoir modifier la loi du 22 mars 1999 avant la fin de la législature, alors déjà bien entamée, en se limitant aux aspects les moins sensibles afin d’éviter d’éventuelles discussions parlementaires de nature à diminuer plus ou moins fortement la probabilité de voir le texte adopté.

118. – Ceci étant, l’outil ainsi conçu peut également servir à d’autres usages étroitement liés à l’élaboration de dispositifs juridiques et à leur adoption. Il pourrait ainsi être mobilisé comme instrument de négociation ou de contestation politique ou juridique, que ce soit pendant ce processus ou après celui-ci – par exemple dans le cadre d’un recours en suspension ou en annulation introduit devant la Cour constitutionnelle. Il pourrait également être utilisé pour l’élaboration de dispositifs d’évaluation de la loi et de sa mise en œuvre.

119. – Construit largement au départ d’un matériel alimenté par le droit international et le droit étranger, l’instrument de mise en scénarios se prête à une utilisation dans d’autres ordres juridiques – par exemple pour interroger la légitimité et l’opportunité d’autoriser la justice pénale française à accéder aux résultats de tests ADN dits « récréatifs » pour résoudre des *cold cases*, comme l’envisage le ministre de la Justice Gérard Darmanin. Parallèlement, l’instrument de mise en scénarios pourra être utilisé comme une grille d’analyse de droit comparé, qui aura notamment pour intérêt d’intégrer dans les recherches autres que les seuls aspects juridiques de la question, tout en permettant une comparaison au prisme des droits humains.

120. – Enfin, moyennant les adaptations nécessaires, l’instrument de mise en scénarios pourrait être mobilisé pour questionner la régulation d’autres pratiques. Cet usage semble, à tout le moins, envisageable et ne devrait pas rencontrer d’écueils majeurs, surtout pour les techniques d’enquête en matière pénale, plus spécialement celles reposant sur des technologies à fort potentiel d’innovation. L’on pense, par exemple, à l’exploitation d’autres données biométriques que l’information génétique ou au phénotypage comportemental à partir de signaux corporels (démarche, empreinte vocale, etc.).

Improving the management of the Belgian forensic DNA databases at the operational and legislative level

Funded by BELSPO - Contract n° B2/233/P2/For2-BioB

Duration of the project : 2023 - 2025

Coordinator

Prof. Dr. Bertrand RENARD, Operational Criminology Division, NICC,

Partners

Prof. Dr. Jean-Marc HAUSMAN, Center for Interdisciplinary Research on Deviance and Penalties (CRID&P), UCLouvain ,
Dr. Laurent KÖHLER, Belgian DNA databases Expert, NICC
Dr. Séverine STEUVE, Custodian of the Belgian DNA databases, NICC

Scientific Staff

Tine DORNÉ, Belgian DNA databases Scientist, NICC
Sarah HUGUES, CRID&P, UCLouvain
Marie MORANDINI, CRID&P, UCLouvain



Context

There has been a fast evolution of the Forensic DNA databases over recent years with an increased use of DNA in criminal investigations and the creation of international collaborations (Prüm Treaty).

Therefore, the legal framework surrounding the use of DNA in criminal matters has been amended several times.

Question:

Is the National Forensic DNA databases and its legislation still up to date?



Scopes

Optimize the management of the DNA databases.

Advise an approach that integrates biological, managerial, legal, and sociological analyses of biobanks.

Transform the restricted utilization of forensic genetic data into an open and collaborative integration with other genetic databases.

Produce new and specific scientific knowledge.



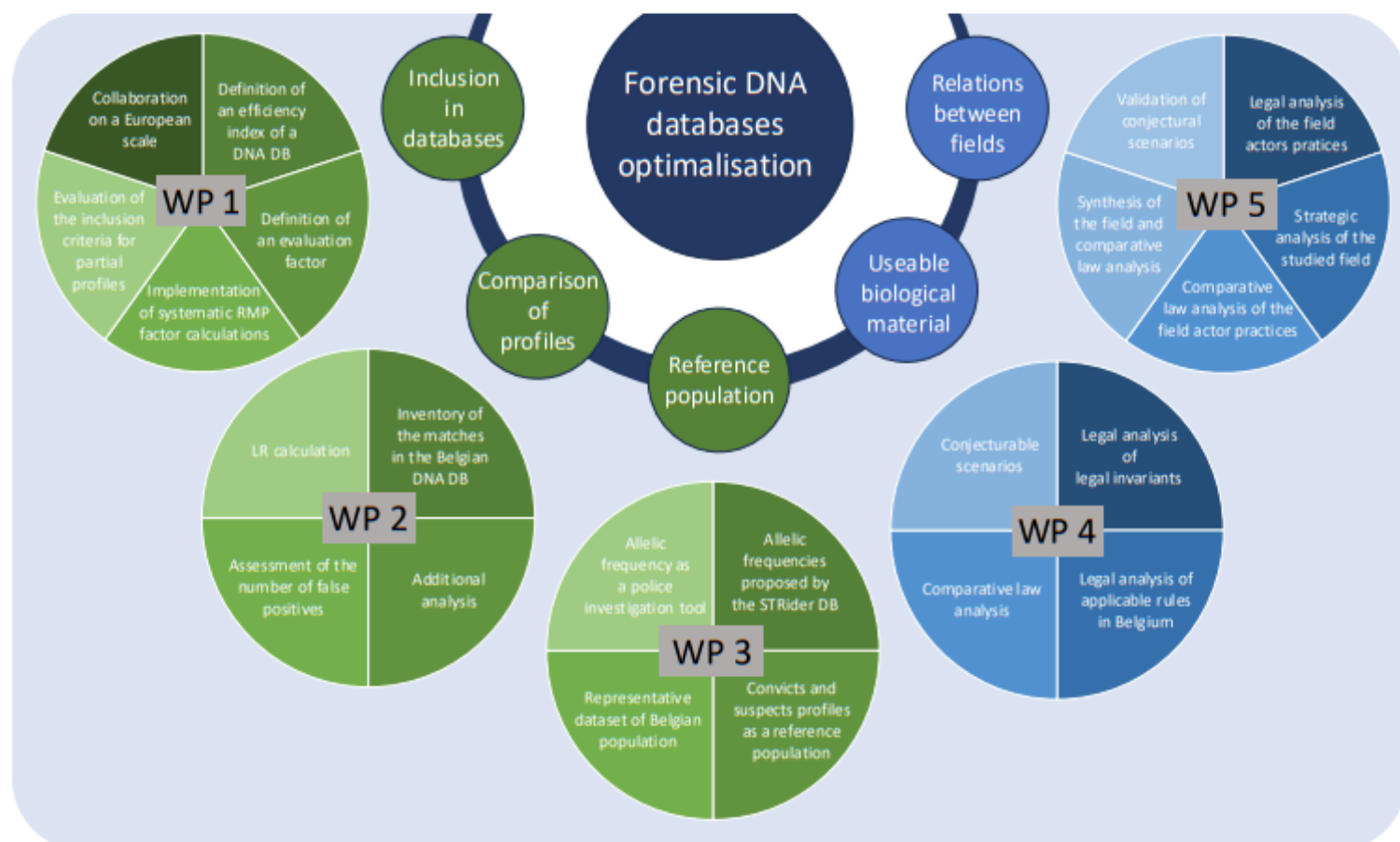
Pillars

Work package 1 - 3:

The DNA databases use as a technical and scientific tool in the service of Justice.

Work package 4 - 5:

Examine current or conjectural mechanisms designed to regulate all the practices of the actors in the field, including of a legal nature.



L'ADN en matière pénale

Nouvelles responsabilités,
nouvelles perspectives

DNA in het strafrecht

Nieuwe verantwoordelijkheden,
nieuwe perspectieven

27 11 2025

BRUXELLES

BRUSSEL

Une journée d'étude organisée par / Een evenement georganiseerd door





Présentation

Cet événement bilingue, qui clôture le projet interdisciplinaire For2-BioB porté par l'INCC et l'UCLouvain, réunit chercheur·euses et professionnel·les autour de la **réglementation belge sur l'ADN, et en particulier la réforme de 2024**. Cette conférence propose une réflexion scientifique et critique sur l'ADN en matière pénale, nourrie par les démarches empiriques réalisées auprès des acteur·ices de terrain.

Elle explore les dimensions techniques et juridiques des méthodes d'analyse et de comparaison ADN récemment légalisées en Belgique, tels que le Y-STR et l'ADNmt, le phénotypage et la recherche familiale, ainsi que leurs utilisations concrètes par les praticien·nes concerné·es.

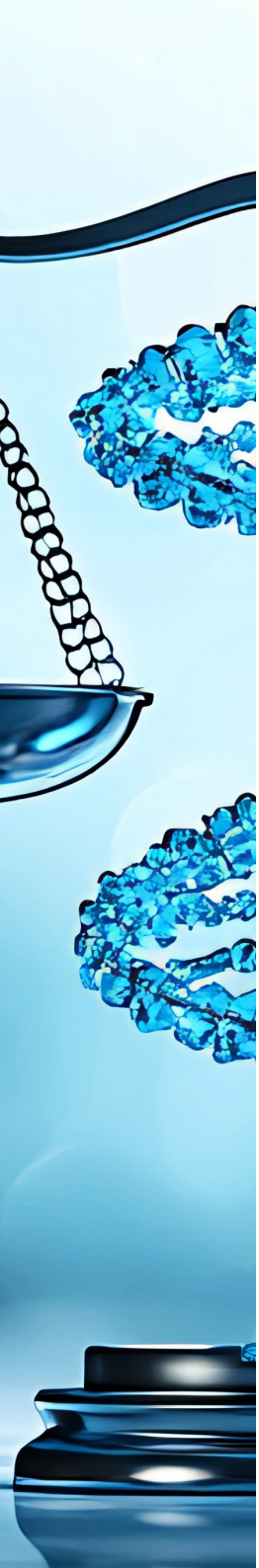
Elle questionne en outre les enjeux éthiques liés aux évolutions contemporaines de l'ADN forensique et les perspectives d'avenir dans le domaine, grâce à l'intervention d'expert·es belges et internationaux.

Public

Valable au titre de la formation continue des professionnel·les (demandes en cours), la conférence est traduite (NL-FR) et s'adresse aux magistrat·es, policier·es, expert·es, avocat·es, et chercheur·euses qui souhaitent comprendre et interroger la législation belge en matière d'ADN forensique.

Un événement organisé par l'Institut National de Criminalistique et de Criminologie (NICC), le Centre de Recherche Interdisciplinaire sur la Déviance et la Pénalité (CRID&P - UCLouvain) et le Centre d'Etudes sur la Police, avec le soutien de BELSPO.





Programme

Accueil et présentation du projet

09:00

Présentation du projet de recherche BELSPO For2-BioB [FR]

Pr. Bertrand RENARD, Chercheur Senior, Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC)

La législation ADN Belge : Dimensions techniques, juridiques et pratiques

Président de séance : Pr. Bertrand RENARD, Chercheur Senior, Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC)

09:30

La loi à l'épreuve de la technique : bref historique des lois ADN belges, évolution des banques de données ADN et dimensions techniques [FR/NL]

Dr. Séverine STEUVE, Gestionnaire des banques de données ADN, Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC)

& MSc. Tine DORNÉ, Chercheuse, Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC)

10:30

Questions avec la salle

10:45

Pause (café et collations offerts)

11:10

La loi à l'épreuve de la réforme : le phénotypage, la recherche familiale et le recours aux marqueurs de lignée [FR]

Pr. Jean-Marc HAUSMAN, Professeur, CRID&P-GEPS, UCLouvain

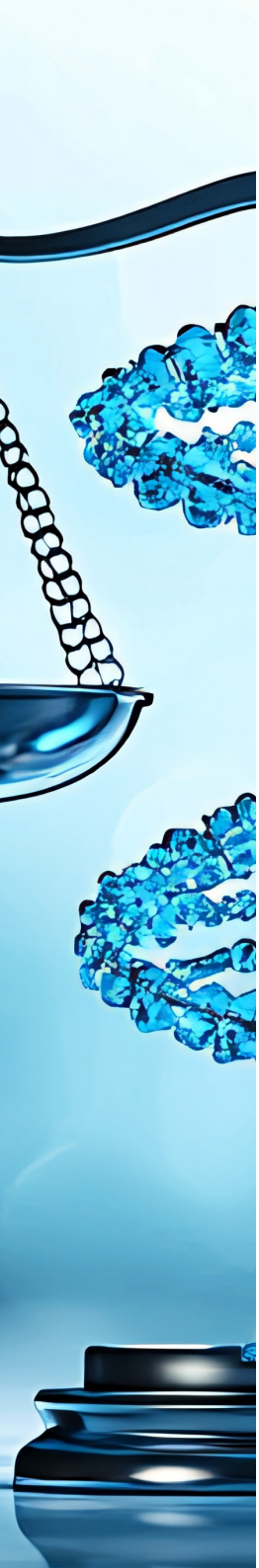
Florence ROUSSEAU, Chercheuse, CRID&P, UCLouvain

& Marie MORANDINI, Magistrate en formation, chercheuse, CRID&P, UCLouvain

11:50

La loi à l'épreuve des pratiques : l'ADN forensique, une vérité façonnée par les contextes et les actrices [FR]

Dr. Margaux COQUET, Chercheuse, Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC)



Programme

12:10 Questions avec la salle

12:30 Pause (lunch offert, sur inscription)

L'ADN en matière pénale : potentialités, limites et enjeux éthiques

Présidents de séance : Dr. Séverine STEUVE, Gestionnaire des banques de données ADN, Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC) & Pr. Jean-Marc HAUSMAN, Professeur, CRID&P-GEPS, UCLouvain

13:30 **L'utilisation du phénotypage ADN forensique en Belgique : premier pas, potentialités et limites [NL]**

Pr. Bram BEKAERT, Professeur, KU Leuven, BE

14:00 **La recherche familiale : réflexion sur l'inclusion des banques de données privées [NL]**

Dr. Nina de GROOT, Chercheuse, Universiteit Leiden, NL

14:30 Questions illustrées avec la salle (*)

14:45 Pause (café offert)

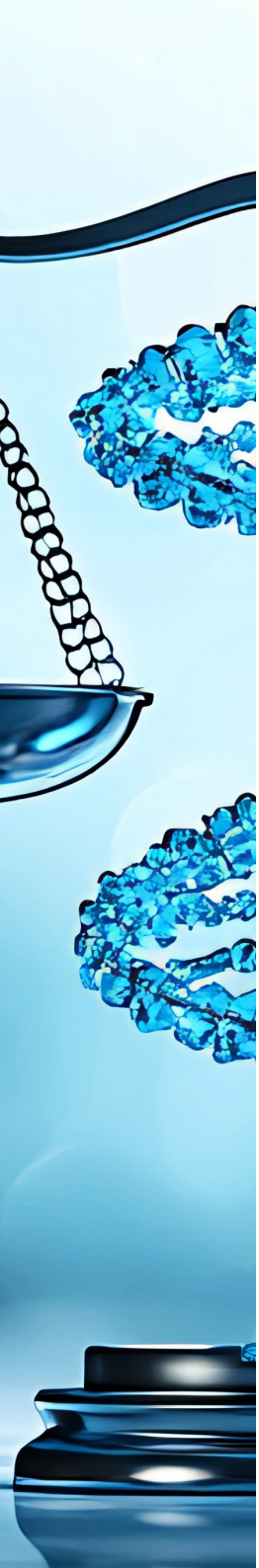
15:00 **INTERPOL et les échanges de données internationaux [FR]**

Dr. François-Xavier LAURENT, Gestionnaire de la banque de données ADN, INTERPOL, FR

15:30 **Fichiers et suspects génétiques en France : une perspective sociologique [FR]**

Dr. Joëlle VAILLY, Directrice de recherche, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), FR

16:00 Questions illustrées avec la salle (*)



Programme

16:15

Conclusions réflexives illustrées (*) [FR/NL]

Dr. Pierre VAN RENTERGHEM, Président de la Commission d'évaluation ADN,
Institut National de Criminalistique et de Criminologie (INCC)

16:30

Fin de la journée d'étude

(*) Avec la facilitation visuelle de Judith du Faux – VisualGarden ©

Infos pratiques

Timing

27 novembre 2025 de 8:30 à 17:00

Lieu

Centre Pachéco

Boulevard Pachéco, 13 - 1000 Bruxelles

Acteurs du projet

Les activités thématiques sont coorganisées par l'Institut National de Criminologie et de Criminologie (INCC), le Centre de Recherche Interdisciplinaire sur la Déviance et la Pénalité (CRID&P - UClouvain) et le Centre d'Etudes sur la Police (CEP).

Reconnaissance

Pour le barreau francophone, la journée compte pour 5 points juridiques / 2 points non juridiques.

Inscription

La participation à la journée d'études ainsi qu'au déjeuner est gratuite. L'inscription est toutefois obligatoire via les liens ci-dessous :

Je m'inscris à la journée d'études en [cliquant ici](#) ou en scannant le QR code ci-dessous



Accès

En train, 10 min à pied de la gare de Bruxelles Nord. **En métro**, 1 min à pied de la station Botanique. **En voiture**, le parking payant Pacheco (Bd Pacheco, 7) est contigu au lieu de la journée d'études.

Infos

www.cepinfo.be
LinkedIn
Viva Engage





Presentatie

Dit tweetalige evenement sluit het interdisciplinaire project For2-BioB af, uitgevoerd door het NICC en de UCLouvain. Het brengt onderzoekers en professionals samen rond de **Belgische DNA-regelgeving, met speciale aandacht voor de hervorming van 2024**. Het biedt een wetenschappelijke en kritische reflectie over het gebruik van DNA in strafzaken, onderbouwd door empirisch onderzoek bij praktijkdeskundigen.

De conferentie verkent de technische en juridische dimensies van de DNA-analyse- en vergelijkingsmethoden die recent in België gelegaliseerd zijn, zoals Y-STR en mtDNA, fenotypering en familiaal onderzoek, evenals hun concrete toepassingen in de praktijk.

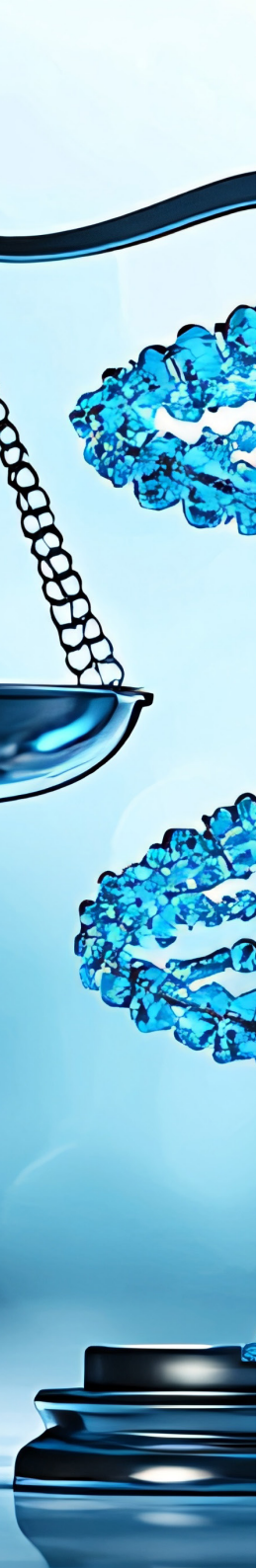
Daarnaast wordt er stilgestaan bij toekomstperspectieven en de ethische uitdagingen die gepaard gaan met de hedendaagse evoluties in forensisch DNA-onderzoek, met bijdragen van Belgische en internationale experts.

Publiek

Het evenement, erkend als permanente vorming voor professionals (aanvragen in behandeling), wordt simultaan vertaald (FR-NL) en richt zich tot magistraten, politie, experts, advocaten en onderzoekers die de Belgische wetgeving inzake forensisch DNA willen begrijpen en kritisch bevragen.

Een evenement georganiseerd door het Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC), het "Centre de Recherche Interdisciplinaire sur la Déviance et la Pénalité" (CRID&P - UCLouvain) en het "Centre d'Etudes sur la Police", met de steun van BELSPO.





Programma

Ontvangst en voorstelling van het project

09:00

Presentatie van het onderzoeksproject BELSPO For2-BioB [FR]

Prof. Bertrand RENARD, senior onderzoeker, Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC)

De Belgische DNA-wetgeving: technische, juridische en praktische aspecten

Voorzitter: Prof. Bertrand Renard, Senior Onderzoeker, Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC)

09:30

De wet op de proef gesteld door de techniek: korte geschiedenis van de Belgische DNA-wetgeving, evolutie van DNA-databanken en technische aspecten [FR/NL]

Dr. Séverine STEUVE, beheerder van de DNA-databanken, Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC)

& MSc. Tine DORNÉ, Onderzoeker, Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC)

10:30

Vragen uit de zaal

10:45

Pauze (koffie en hapjes worden aangeboden)

11:10

De wet op de proef gesteld door de hervorming: fenotypering, familiale zoeking en het gebruik van afstammingsmarkers [FR]

Pr. Jean-Marc HAUSMAN, Hoogleraar, CRID&P-GEPS, KU Leuven

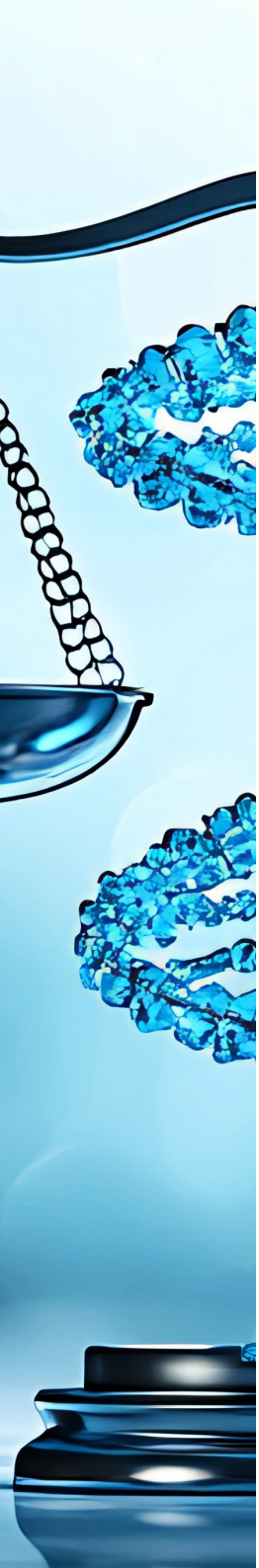
Florence ROUSSEAU, Onderzoeker, CRID&P, KU Leuven

& Marie MORANDINI, Magistraat in opleiding, onderzoeker, CRID&P, UCLouvain.

11:50

De wet op de proef gesteld door de praktijk: forensisch DNA, een waarheid die wordt gevormd door contexten en actoren [FR]

Dr. Margaux COQUET, Onderzoeker, Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC)



Programma

12:10 Vragen uit de zaal

12:30 Pauze (lunch aangeboden, op inschrijving)

DNA in strafzaken : mogelijkheden, beperkingen en ethische kwesties

Voorzitters : Dr. Séverine STEUVE, Beheerder van de DNA-databanken, Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC) & Prof. Jean-Marc HAUSMAN, Professor, CRID&P-GEPS, KU Leuven

13:30 **Het gebruik van forensische DNA-fenotypering in België: eerste stappen, mogelijkheden en beperkingen [NL]**

Prof. Bram BEKAERT, professor, KU Leuven, BE

14:00 **Familieonderzoek: reflectie over de opname van particuliere databanken [NL]**

Dr. Nina de GROOT, Onderzoeker, Universiteit Leiden, NL

14:30 Vragen geïllustreerd uit de zaal (*)

14:45 Pauze (gratis koffie)

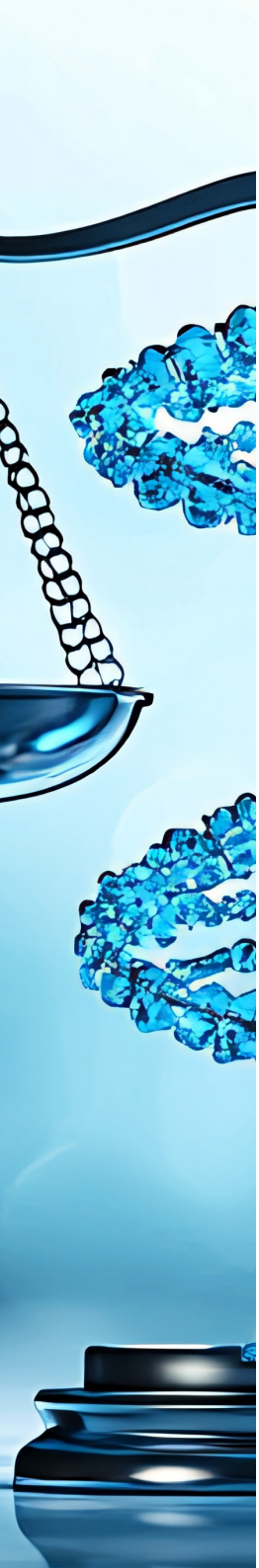
15:00 **INTERPOL en internationale gegevensuitwisseling [FR]**

Dr. François-Xavier LAURENT, Beheerder van de DNA-databank, INTERPOL, FR

15:30 **Bestanden en genetische verdachten in Frankrijk: een sociologisch perspectief [FR]**

Dr. Joëlle VAILLY, Onderzoeksdirecteur, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), FR

16:00 Vragen geïllustreerd uit de zaal (*)



Programma

16:15

Illustratieve reflectieve conclusies (*) [FR/NL]

Dr. Pierre VAN RENTERGHEM, Voorzitter van de DNA-evaluatiecommissie,
Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC)

16:30

Einde van de conferentie

(*) Met visuele ondersteuning van Judith du Faux – VisualGarden ©

Praktische Inlichtingen

Timing

27 november 2025 van 8:30 tot 17:00

Locatie

Pacheco center

Pachecolaan, 13 - 1000 Brussel

Project-deelnemers

Thematische activiteiten zijn georganiseerd door het Nationaal Instituut voor Criminalistiek en Criminologie (NICC), het “Centre de Recherche Interdisciplinaire sur la Déviance et la Pénalité” (CRID&P - UClouvain) en het “Centre d’Etudes sur la Police”.

Erkenning

Voor de Nederlandstalige balie telt de dag voor 5 juridische punten.

Inschrijving

Deelname aan de studiedag en de lunch is gratis. Inschrijven is echter verplicht via onderstaande links:

Ik schrijf me in voor de studiedag - [Click hier](#) of scan de onderstaande QR code



Bereikbaarheid

Met de trein, 10 minuten vanaf het noord-station. **Met de metro**, 1 minuut te voet vanaf station Kruidtuin. **Met de auto**, de betaalparking (Pachecolaan 7) is gelegen aan het Pacheco center.

Inlichtingen

www.cepinfo.be

LinkedIn

Viva Engage



Travail de visualisation de Judith Du Faux

Lors de la conférence de dissémination du 27 novembre 2025, *L'ADN en matière pénale. Nouvelles responsabilités, nouvelles perspectives*, les interventions ont accompagnées en direct par un travail de visualisation réalisé par Judith Du Faux. Ce travail a permis de soutenir les échanges avec la salle, de rassembler de manière concise, à partir d'un regard tiers, l'essentiel des interventions, ainsi que de faciliter au terme de la journée, l'élaboration des conclusions transversales.

Les diapositives reprises ci-après sont le résultat du travail de visualisation de Judith Du Faux réalisé durant la conférence.

Présentation du projet de recherche BELSPO For2-Bio

Presentatie van het onderzoeksproject BELSPO For2-BioB

Pr. Bertrand RENARD (INCC)

Fin 1980:
1^{ers} usages

2011: AMÉLIORATION
SIMPLIFICATION

2024
ACTUALISATION
des TECHNIQUES

202?
ADAPTATION de
la Loi ADN?

1999: Loi ADN

un peu d'histoire...

2013:
PERSONNES
DISPARUES

2021:
APPEL
BRAIN.BE 2.0.

Loi de 2024

en BELGIQUE

"LA JUSTICE NE PEUT
UTILISER QUE CE QU'ELLE
A PRODUIT COMME
BASE de DONNÉES ADN"

VASE CLOS

HERMETIQUE

AUTRES SOURCES:

> MÉDICAL
> RÉCRÉATIF

[FOR2 - BioB]

5 WORKPACKAGES POUR...

* DONNER des PISTES
POUR AMÉLIORER
BANQUES de DONNÉES

• FAUX POSITIFS?
• BASES de CALCULS SOLIDES?

* AVOIR UNE RÉFLEXION SUR le
RESPECT des CONTRAINTES
ÉTHIQUES et LÉGALES

• ÉLABORATION de
SCÉNARIOS

* ANTICIPER L'ÉVOLUTION
de la DIMENSION
LÉGISLATIVE

"LE COURAGE de SE
REMETTRE en QUESTION"

"N'oublions PAS
L'INVESTISSEMENT,
L'IMPORTANCE de BELSPO"



La loi à l'épreuve de la technique: bref historique des lois ADN belges, évolution des banques de données ADN et dimensions techniques

De wet op de proef gesteld door de de techniek: korte geschiedenis van de Belgische DNA-wetgeving, evolutie van DNA-databanken en technische aspecten

Dr. Séverine STEUVE, MSc. Tine DORNÉ (NICC-INCC)

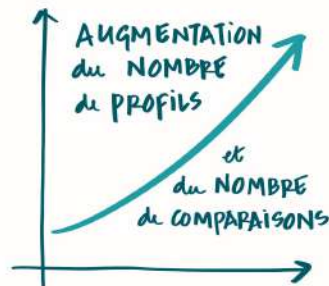
Loi de 2011

AMÉLIORER &
SIMPLIFIER la
PROCÉDURE

✓ ANALYSER
SUSPECT SANS
TRACE

• ENREGISTREMENT
de SUSPECTS et
d'autres DÉLITS

✓ COMPARAISONS
INTERNATIONALES



Loi de 2013

CRÉATION d'UNE
BASE de DONNÉES
ADN
de PERSONNES
DISPARUES

"LA RECHERCHE ADN, POUR
MA PART JE L'AI
COMMENCÉE en 1999
AVEC UN TABLEAU
EXCEL!"



Loi de 2024

▷ ENREGISTREMENT
de 3 TYPES d'ADN

- ADN AUTOSOMIQUE : analyse STANDARD INDIVIDU
- ADN MITOCHONDRIAL : LIGNÉE MATERNELLE analyse MT DNA
- ADN du CHROMOSOME Y : analyse Y-STR LIGNÉE PATERNELLE



▷ DÉLAI de CONSERVATION

▷ TECHNIQUES DÉCRITES

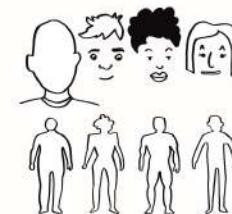
- 1) RECHERCHE FAMILIALE
- 2) PHÉNOTYPAGE FORENSIQUE



Loi 1999

✓ 1^{ère} LOI CADRANT
L'UTILISATION

CRÉATION de 2 BANQUES
de DONNÉES
(SIMPLE-MIXTE-CONDAMNÉES)



COULEUR des
YEUX, des
CHEVEUX et
ORIGINE
BIOGÉOGRAPHIQUE

La loi à l'épreuve de la technique: bref historique des lois ADN belges, évolution des banques de données ADN et dimensions techniques
De wet op de proef gesteld door de de techniek: korte geschiedenis van de Belgische DNA-wetgeving, evolutie van DNA-databanken en technische aspecten

Dr. Séverine STEUVE, MSc. Tine DORNÉ (NICC-INCC)

HOE ZIET ER EEN
DNA-PROFIEL UIT?



WAAROM IS
HET PROJECT
OPGESTELD?

- ▷ TOENAME in REGISTRATIE
- ▷ INTERNATIONALE SAMENWERKING
- ▷ MEER GEBRUIK in CRIMINELE ZAKEN

FOR2-BIOB VERVANGT
AANTAL MERKERS DOOR STATISTISCHE
WAARDEN (RMP, LR)

van HUIDIGE
WORKFLOW naar
NIEUWE
VOORSTEL

MEER DNA-
PROFIELEN KUNNEN
VEILIG WORDEN
OPGENOMEN in
de DATABANK

- ▷ GEBASEERD
OP AANTAL
MERKERS
(≥ 10 = MATCH
8-9 = BEPERKTE
MATCH
5-7 = LABOCONTROLE)

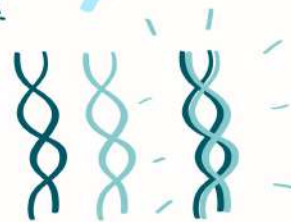
- ▷ GEBASEERD
OP STATISTISCHE
WAARDEN
(RANDOM MATCH
PROBABILITY)

ALLEL-FREQUENTIES
VERSCHILLEN STERK
TUSSEN POPULATIES

BELGISCHE REFERENTIE-
POPULATIE IS NOG
STEEPS REPRESENTATIEF

WANNEER IS
HET een MATCH?

VROEGER



For2-
BioB

"L'EXPERT JUDICIAIRE
FAIT des CHOIX ...
UN DOMAINE OÙ LA
STANDARDISATION
PEUT ENCORE AVANCER"



La loi à l'épreuve de la réforme : le phénotypage, la recherche familiale et le recours aux marqueurs de lignée

De wet op de proef gesteld door de hervorming: fenotypering, familiale zoeken en het gebruik van afstammingsmarkers

Pr. Jean-Marc HAUSMAN, Florence ROUSSEAU, Marie MORANDINI (CRID&P)

la RECHERCHE FAMILIALE

- ▷ DÉTECTER DES LIENS de PARENTÉ entre l'AUTEUR d'une TRACE inconnue et des PERSONNES FICHÉES et IDENTIFIÉES

▷ limité au 2^e DEGRÉ



PÈRE, MÈRE, FILS, FILLE,
FRÈRES, SOEURS...

- 1) COMPARAISONS AUTOSOMALE et ensuite
- 2) ANALYSE de MARQUEURS de LIGNÉES



UNE OCCASION de SE QUESTIONNER SUR ...
... LA MISE sous TENSION des DROITS FONDAMENTAUX
(vie privée, vie familiale...)
... LE COÛT des ANALYSES, L'AFFECTATION des RESSOURCES

HÉ!! MAIS JE N'AI RIEN À VOIR LÀ DEDANS MOI!

COUSINE de X

MEMBRES de la FAMILLE de "X"

CADRE LÉGAL

- TRACE non IDENTIFIÉE, de QUALITÉ SUFFISANTE
- PROPORTIONNALITÉ/GRAVITÉ
- SUBSIDIARITÉ (MAIS ASSEZ VAGUE)
- MOTIVATION du MAGISTRAT

... en dernier recours
(POURTANT, PEUT-ÊTRE INTÉRESSANT de l'EFFECTUER PLUS TÔT)

le RAPPORT COÛT/BÉNÉFICE
MÉRITERAIT D'ÊTRE ÉTUDIÉ
de MANIÈRE APPROFONDIE

La loi à l'épreuve de la réforme : le phénotypage, la recherche familiale et le recours aux marqueurs de lignée

De wet op de proef gesteld door de hervorming: fenotypering, familiale zoeken en het gebruik van afstammingsmarkers

Pr. Jean-Marc HAUSMAN, Florence ROUSSEAU, Marie MORANDINI (CRID&P)

CHANGEMENTS COPERNICIENS de la Loi ADN du 8 mars 2024

▷ ABANDON de la DISTINCTION CODANT / NON-CODANT

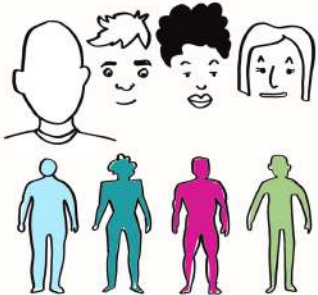
- ▣ PHÉNOTYPAGE
- ▣ RECHERCHE FAMILIALE
- ▣ PROFILS Y-STR en CAS D'AGRESSION SEXUELLE

"UNE (R)ÉVOLUTION GÉNÉRALE dans le FORENSIC... QUI DÉPASSE les FRONTIÈRES de l'ADN" (BALISTIQUE, DROGUES)

▣ **PHÉNOTYPAGE** : • **OBJECTIF** : ORIENTATION de l'ENQUÊTE

CARACTÉRISTIQUES PHYSIQUES & ORIGINE BIOGÉOGRAPHIQUE

• **CONDITIONS** : DOUBLE SUBSIDIARITÉ MOTIVATION, PROPORTIONNALITÉ



POINTS D'ATTENTION

- C'EST UNE PROBABILITÉ
- RISQUE de DISCRIMINATION
- RISQUE de RÉCUPÉRATION
- MISE EN TENSION des DROITS de l'HOMME

• **OPPORTUNITÉS**...
• COLD CASE

▣ MARQUEURS de LIGNÉES

▷ INFORMATIONS SUR le "PATRIMOINE COMMUN" des MEMBRES de PARENTÉS BIOLOGIQUES

▷ UTILISATION d'ADN MITOCHONDRIAL - mt
ADN lié au CHROMOSOME Y - YSTR
(et moins l'ADN AUTOSOMIQUE)

• PAR "RECOUPEMENT", le "PATRIMOINE COMMUN" CONSTITUE UN OUTIL de DISCRIMINATION

• **OBJECTIF** : ORIENTATION dans une ENQUÊTE

CADRE LÉGAL (HORS R.F.)

• **OPPORTUNITÉS** : CAS D'AGRESSIONS SEXUELLES

IL Y A PLUS de PROFILS Y-STR QUE MÊME DANS les BANQUES de DONNÉES

UNE OCCASION de SE QUESTIONNER SUR...

... le PRINCIPLE d'ÉGALITÉ et de NON DISCRIMINATION

♂ ♀ * RÉALITÉS CRIMINELLES SEXUÉES, GENREES

... la FONCTION de l'ENQUÊTE
... la PRÉSUMPTION d'INNOCENCE et le PROCÈS ÉQUITABLE

La loi à l'épreuve des pratiques : l'ADN forensique, une vérité façonnée par les contextes et les actrices

De wet op de proef gesteld door de praktijk: forensisch DNA, een waarheid die wordt gevormd door contexten en actoren

Dr. Margaux COQUET (INCC-NICC)

UNE MÉCANIQUE bien HUILÉE?



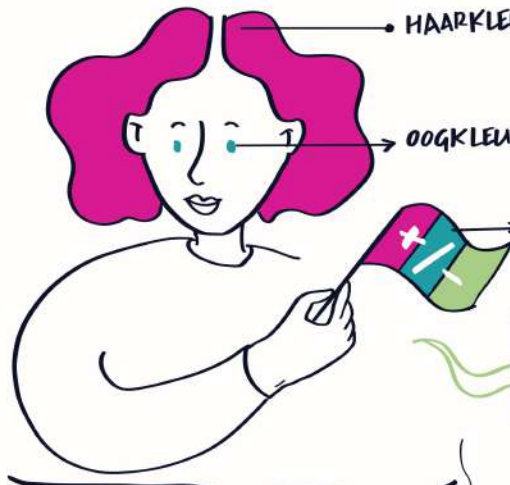
Het gebruik van forensische DNA-fenotypering in België: eerste stappen, mogelijkheden en beperkingen

L'utilisation du phénotypage ADN forensique en Belgique : premiers pas, potentialités et limites

Pr. Bram BEKAERT (KU Leuven) FORENSISCHE GENETICA, TOXICOLOGIE, GENEESKUNDE

FENOTYPERING

UITERLIJK, GEDRAG, LICHAAMELIJKE
KENMERKEN



RATIOS van pigmenten
[EUMELANINE
FEOMELANINE
en VARIATIES

HAARKLEUR
DOMINANT
RECESSIEF
OOGKLEUR

BIOGEOGRAFISCHE
AFKOMST

HOE ZEKER ZIJN
WE VAN HET
RESULTAAT?

81%

74%

94%

LEEFTIJD IS
MAAR een
GETAL!



LEEFTIJD

LEEFTIJDSEBEPALING via
DNA - METHYLATIE

CHRONOLOGISCHE $\approx$ EPIGENETISCHE
 $\approx$ BIOLOGISCHE LEEFTIJD

Y-STR

PROFILERING
(23-40 MERKERS)

HAPLOGROEPVOORSPELLING
100% R1b

+ VOORDEEL: familie
zoeking

NADEEL: lagere
discriminatie
kracht

VOORWAARDEN

- * DELICTGERELATEERD
CELMATERIAAL
- * LIEFST ENKELVONDIG
SPOOR
- * WEINIG CELMATERIAAL
NODIG

BIOGEOGRAFISCHE AFKOMST



SPOOR $\rightarrow$ FAMILIALE
ZOEKING $\rightarrow$ YCHROMOSOM
ONDERZOEK
 $\downarrow$
YmrCA



JUF MIEKE

10/11/2020

101 MESSTEKEN

FENOTYPERING:
WEST-EURAZIATISCHE
ORIGINE



MASSASCREENING:

GESCHATTE LEEFTIJD
33,25 j

ECHTE LEEFTIJD VADER: 35,5 j.

SYNTHÈSE VISUELLE: VISUAL GARDEN - J. DU FAUX

Familieonderzoek : reflectie over de opname van particuliere databanken

La recherche familiale: réflexion sur l'inclusion des banques de données privées

Dr. Nina de GROOT (Universiteit Leiden)

FORENSISCH GEBRUIK.
COMMERCIEËLE DATABANKEN



SNP PROFIELEN (± 700.000 loci)
VS FORENSISCHE STR-PROFIELEN

OPSPORING via
GEMEENSCHAPPELIJK
VOOROUER

PLATFORMS:
GEDmatch, FTDNA



2 pilot
COLD CASES

- ▷ ONBEKEND SLACHTOFFER
- ▷ ONBEKENDE VADER

TOESTEMMING
RECHTER-
COMMISARIS

EEN
STEEDS
EVOLUEREND
WETENSCHAP-
PELIJKE
DOMEIN

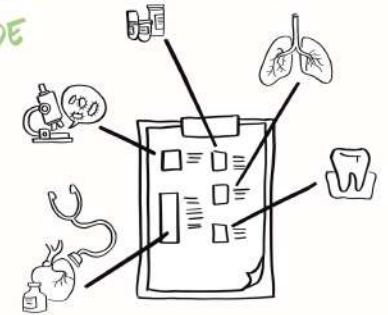


PRIVACY

- GEVOELIGHEID van GENETISCHE INFO
- AANTAL PERSONEN
- ...

TOESTEMMING

- INFORMATIEVOORZIENING ADEQUAAT?
- IN HOEVERRE HOUDEN BEDRIJVEN ZICH AAN KEUZE VAN INDIVIDU?
- MOGELIJKHEID OM SERVICEVOORWAARDEN EENZELDIG te WIJZIGEN



2% VAN POPULATIE VOLSTAAT
VOOR OPSPORING

INDIVIDUELE
TOESTEMMING

IMPACT VAN 1 DNA-PROFIEL
OP ANDEREN

RELATIONELE DIMENSIE/PRIVACY
GROEPSPRIVACY • VEILIGHEID

HORIZONTALE DATA

DELEN DIGITALE
DATA

VGL. 23 and Me
HACK
INDIVIDUELE
COLLECTIEVE SCHADE

ROL van
COMMERCIEËLE
PARTIJEN

DEMOCRATIE

INTERPOL et les échanges de données internationaux

INTERPOL en internationale gegevensuitwisseling

Dr. François-Xavier LAURENT (INTERPOL)



LOCALISATION
et APPREHENSION
de FUGITIFS
INTERNATIONAUX

NOTICE ROUGE

- COOPÉRATION POLICIÈRE DEPUIS 1923
- CADRE JURIDIQUE et
- INFRASTRUCTURE TECHNIQUE



MISSING...
UN ENJEU
MONDIAL

25% des ENQUÊTES
sur les PERSONNES
DISPARUES ONT UNE
DIMENSION
TRANSNATIONALE

TOURISME

AUGMENTATION de la
MIGRATION MONDIALE

CRIMINALITÉ
TRANSNATIONALE

VULNÉRABILITÉ des
MIGRANTS et des
RÉFUGIÉS

NOTICES
JAUNES

LOCALISER une
PERSONNE

NOTICES
NOIRES

LOCALISER une
PERSONNE ou
un CORPS

- BASE de DONNÉES ADN, REC FACIALE, DIGITALE, DENTS...

BELGIQUE
et loi ADN

AUTORISATION
OFFICIELLE D'ENVOI de PROFILS
ADN VERS INTERPOL

"OUTILS INTERNATIONAUX =
ATOUT POUR les COLD CASES"

la COMMUNICATION
AVEC le PUBLIC EST
ESSENTIELLE

OPERATION
IDENTIFY ME

+ 4 MILLIONS de
VISITES
+ 4.000 MESSAGES
PUBLICS
+ 500 ARTICLES

MATCH DIRECT

ou ADN des PROCHES
(via I-FAMILIA)

→ DEMANDER
CONSENTEMENT

27
IDENTIFICATIONS
CONFIRMÉES
en EUROPE,
ÉTATS UNIS,
AFRIQUE...

CORRESPONDANCE

→ RÉSULTAT
AUTOMATIQUE (15')

→ MISE en
RELATION ENTRE

↓
SUR BASE
VOLONTAIRE
des PAYS

PAYS A ↔ PAYS B

400.000 PROFILS ADN
100 PAYS PARTICIPANTS

la BELGIQUE
EST dans le TOP
10 des FOURNISSEURS
de I-FAMILIA!
... la BELGIQUE
un RÔLE D'EXEMPLE?
😊

Fichiers et suspects génétiques en France: une perspective sociologique

Bestanden en genetische verdachten in Frankrijk: een sociologisch perspectief

Dr. Joëlle VAILLY (CNRS)

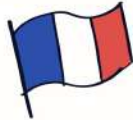
une ÉTUDE qui s'est DÉROULÉE
sur PRESQUE 10 ANS!

une ANALYSE
SOCILOGIQUE...

L'ADN PÉNAL = NOUVELLE
EXPERTISE POUR IDENTIFIER
les "DÉVIANTS"



LE CORPS du
SUSPECT = OBJET
SCIENTIFIQUE &
INSTRUMENT
SÉCURITAIRE



C'EST MON
ADN LÀ
NON ??

HÉ-HO!!!



ATTEINTE
DISPROPORTIONNÉE
à la VIE PRIVÉE

OUI MAIS
"PLUS LA BASE EST
GRANDE, PLUS ELLE
EST UTILE"

EXTENSION
et DURABILITÉ
du SOUPÇON

"IPSEÛTÉ" &
"MÊMETÉ"

MAIS PUISQUE JE
VOUS DIS QUE
JE SUIS INNOCENT!!!



LOGIQUE des
OPPOSANTS

▷ EFFET de JURIDICTION

- "J'EN AI RIEN À VOIR AVEC UN CRIMINEL"
- "DEUX POIDS - DEUX MESURES!"

▷ EFFET de VÉRIDICTION

- "OUI MAIS QU'AUZ-VOUS RÉVÉLER D'AUTRE?"
 - ▷ USAGE MEDICAL?
 - ▷ ORIGINE BIO GÉOGRAPHIQUE

... ET DES AUTRES...
"MAIS C'EST UN EXCELLENT
MOYEN de SURVEILLANCE!"
"BOF. C'EST UN SUJET PEU
MOBILISATEUR"

FNAEG

- 2020 : 3,3 Mi de PROFILS + 0,7 Mi ANONYMES
- 21 MARQUEURS GÉNÉTIQUES MAX
- CRIMES, VOLS, CAMBRIOLAGES, DESTRUCTIONS...

- 17% CONDAMNÉS
- 75% MIS en CAUSE (SUSPECTS)

POPULATION de SUSPECTS
LATENTS

→ DURÉE
de CONSERVATION

- 15 ANS SUSPECTS
- 25 ANS CONDAMNÉS

"QUI COMMET UN DÉLIT
COMMET UN CRIME"

BOAF, JE N'AI
RIEN à
CACHER...



COLLECTE sur les
RÉSEAUX, sur
INTERNET,
TESTS RÉCRÉATIFS

UN EMBALLEMENT
de la MACHINE
de la VÉRITÉ?

... RÉSIGNATION... VOIRE APPROUVÉ!

List of Figures and Tables

NB: The pages indicated refer to the main report, not to the appendices

I. List of Figures

Figure 1:	<i>Workflow for non-matching DNA profiles</i>	32
Figure 2:	<i>Workflow for matching DNA profiles</i>	33
Figure 3:	<i>Boxplots of the Log₁₀ LR values for the High 7 – High 10 matches</i>	64
Figure 4:	<i>Density plots of the Log₁₀ LR values for the High 7 – High 10 matches</i>	66
Figure 5:	<i>Log₁₀(RMP) distribution of 6-locus DNA profiles found in adventitious matches (red) versus profiles not involved in adventitious matches (green)</i>	68
Figure 6:	<i>Distribution of Log₁₀(LR) values for genuine (green) and adventitious matches (red), categorized by the number of shared STR markers between DNA profiles</i>	70
Figure 7:	<i>Suggested workflow for the DNA database expert in Phase 1, based on statistical data</i>	72
Figure 8:	<i>Suggested workflow for the DNA database expert in Phase 2, based on statistical data</i>	74
Figure 9:	<i>Suggested workflow for the DNA database expert in phase 4 when the priority is to prevent the accumulation of non-informative DNA profiles, based on statistical data</i>	76
Figure 10:	<i>Suggested workflow for the DNA database expert in phase 4 when the priority is to maximize the identification of genuine matches, based on statistical data</i>	76
Figure 11:	<i>Visual representation of the difference in allelic frequency between BE-CODIS and Belgian reference population for locus CSF1PO</i>	78
Figure 12:	<i>Visual representation of the difference in allelic frequency between BE-CODIS, Belgian reference population and STRidER Europe data for locus CSF1PO</i>	79
Figure 13:	<i>Density plot comparing Log₁₀(RMP) distributions of 837 DNA profiles based on BE-CODIS and Belgian reference populations</i>	80
Figure 14:	<i>Distribution of Log₁₀ RMP differences between BE-CODIS and Belgian reference populations</i>	81

II. List of tables

Table 1:	<i>Position, language and number of participants in the semi-directive interviews</i>	59
Table 2:	<i>Position, language and number of participants in the group analysis</i>	61
Table 3:	<i>Position, language and number of participants in the empirical study</i>	61
Table 4:	<i>Number of datapoints per class</i>	64
Table 5:	<i>Table summarizing the boxplot statistics</i>	65
Table 6:	<i>Percentage in overlap between the different classes</i>	66
Table 7:	<i>Dunn test results</i>	67
Table 8:	<i>Model 14, trace selection diagram (COL 21/2013, pp. 72-73)</i>	96