

## UNOFFICIAL TRANSLATION

This document has been translated from its original language using DeepL Pro (AI translation technology) in order to make more content available to HIV Justice Academy users. We acknowledge the limitations of machine translation and do not guarantee the accuracy of the translated version.

No copyright infringement is intended. If you are the copyright holder of this document and have any concerns, please contact [academy@hivjustice.net](mailto:academy@hivjustice.net).

## TRADUCTION NON OFFICIELLE

Ce document a été traduit de sa langue d'origine à l'aide de DeepL Pro (une technologie de traduction en ligne basée sur l'intelligence artificielle) pour offrir aux utilisateurs de HIV Justice Academy une plus grande sélection de ressources. Nous sommes conscients des limites de la traduction automatique et ne garantissons donc pas l'exactitude de la traduction.

Aucune violation des droits d'auteur n'est intentionnelle. Si vous êtes le détenteur des droits d'auteur associés à ce document et que sa traduction vous préoccupe, veuillez contacter [academy@hivjustice.net](mailto:academy@hivjustice.net).

## TRADUCCIÓN NO OFICIAL

Este documento fue traducido de su idioma original usando DeepL Pro (una aplicación web basada en inteligencia artificial) a fin de facilitar la lectura del contenido para los usuarios de la HIV Justice Academy. Reconocemos las limitaciones de las traducciones realizadas a través de este tipo de tecnología y no podemos garantizar la precisión de la versión traducida.

No se pretende infringir los derechos de autor. Si usted es el titular de los derechos de autor de este documento y tiene alguna duda, pónganse en contacto con [academy@hivjustice.net](mailto:academy@hivjustice.net).

## НЕОФИЦИАЛЬНЫЙ ПЕРЕВОД

Этот документ был переведен с языка оригинала с помощью DeepL Pro (технологии перевода на основе искусственного интеллекта), чтобы обеспечить доступ пользователей Академии правосудия по ВИЧ к большему объему контента. Мы отдаем себе отчет в ограниченных возможностях машинного перевода и не гарантируем точности переведенной версии документа

Мы не имели намерения нарушить чьи-либо авторские права. Если вам принадлежат авторские права на этот документ, и у вас имеются возражения, пожалуйста, напишите нам на адрес [academy@hivjustice.net](mailto:academy@hivjustice.net)

# Médecine légale du VIH : pièges et normes acceptables dans l'utilisation de l'analyse phylogénétique comme preuve dans les enquêtes criminelles sur la transmission du VIH\*.

EJ Bernard,<sup>1</sup> Y Azad,<sup>2</sup> AM Vandamme,<sup>3</sup> M Weait<sup>4</sup> et AM Geretti<sup>5</sup>

<sup>1</sup>NAM, Londres, Royaume-Uni, <sup>2</sup>National AIDS Trust, Londres, Royaume-Uni, <sup>3</sup>Rega Institute for Medical Research, Katholieke Universiteit Leuven, Louvain, Belgique, <sup>4</sup>Research Institute for Law, Politics and Justice, Keele University, Staffordshire, Royaume-Uni, et <sup>5</sup>Department of Virology, Royal Free Hospital and Royal Free & University College Medical School, Londres, Royaume-Uni.

## Contexte

L'analyse phylogénétique - l'étude de la parenté génétique entre les souches de VIH - a récemment été utilisée dans des poursuites pénales comme preuve de la responsabilité de la transmission du VIH. Dans ces procès, l'avis expert des virologues a été d'une importance capitale.

## Pièges

L'analyse phylogénétique des séquences génétiques du VIH est complexe et ses résultats n'atteignent pas les niveaux de certitude obtenus avec l'analyse médico-légale de l'ADN humain. Bien que deux individus puissent être porteurs de souches de VIH étroitement apparentées, celles-ci ne seront pas nécessairement propres à ces deux parties et pourraient s'étendre à d'autres personnes au sein du même réseau de transmission.

## Normes acceptables

À des fins médico-légales, l'analyse phylogénétique doit être réalisée dans des conditions strictement contrôlées par des laboratoires disposant d'une expertise pertinente et appliquant des méthodes rigoureuses. Il est d'une importance vitale d'inclure les bons contrôles, qui doivent être épidémiologiquement et temporellement pertinents pour les parties faisant l'objet de l'enquête. L'utilisation de contrôles inappropriés peut exagérer tout lien de parenté entre les souches virales du plaignant et du défendeur en les présentant comme étonnamment uniques. Il sera souvent difficile d'obtenir les contrôles pertinents. Si des contrôles pratiques mais moins appropriés sont utilisés, l'interprétation des résultats doit être tempérée en conséquence.

## Conclusions

L'analyse phylogénétique ne peut pas prouver que la transmission du VIH a eu lieu directement entre deux individus. Cependant, elle peut disculper des individus en démontrant que le défendeur est porteur d'une souche virale sans rapport avec celle du plaignant. Les témoins experts doivent reconnaître les limites des déductions qui peuvent être faites et choisir le bon langage dans les témoignages écrits et verbaux.

**Mots clés :** analyse phylogénétique, enquête criminelle, transmission du VIH, enquête médico-légale, épidémiologie moléculaire.

Reçu : 19 février 2007, accepté le 20 avril 2007

## Introduction

Depuis 2001, plusieurs poursuites ont été engagées au Royaume-Uni pour transmission sexuelle du VIH, et d'autres cas sont en attente de jugement. En Angleterre et au Pays de Galles, des personnes ont été

condamnés pour "transmission inconsidérée du VIH" en vertu de l'article 20 de la loi sur les infractions contre la personne (OAPA) de 1861. Il n'y a pas d'infraction de comportement à risque, d'exposition d'autrui au risque de transmission ou de "mise en danger".<sup>1</sup> En résumé, deux faits doivent être prouvés :

\*Une version plus longue de cet article a été publiée par NAM et le National AIDS Trust en mars 2007.

Correspondance : M. Edwin J. Bernard, rédacteur, *AIDS Treatment Update*, NAM, Lincoln House, 1 Brixton Road, Londres SW9 6DE, Royaume-Uni. Tél : 1 44 07005 963523 ; fax : 1 44 07005 802731 ; e-mail : edwin@nam.org.uk.

<sup>1</sup>En Écosse, il existe un délit de droit commun distinct, à savoir la "blessure par imprudence", qui a donné lieu à des poursuites. En Écosse, il est également possible que des poursuites soient engagées pour exposition au VIH, en tant que "mise en danger par imprudence", bien qu'aucune n'ait eu lieu à ce jour.



- (1) que le défendeur a infecté le plaignant, et
- (2) que le défendeur était "imprudent" (c'est-à-dire qu'au moment de l'infraction, il était temps pertinent, il ou elle était conscient(e) du risque de infectant le plaignant).

sensibilisation du public en 1990, lorsque les Centres de contrôle et de prévention des maladies des États-Unis (US)

Dans son projet de politique sur les "poursuites dans les affaires de transmission sexuelle d'infections causant des lésions corporelles graves" [1], le Crown Prosecution Service (CPS) exige des preuves scientifiques pour étayer un dossier d'accusation, même lorsque le défendeur souhaite plaider coupable. Un défendeur peut se sentir "coupable" d'avoir eu des rapports sexuels non protégés sans avoir révélé sa séropositivité, mais ce n'est pas la même chose que de savoir qu'il est en fait la source de l'infection du plaignant.

L'analyse phylogénétique - l'étude du degré de parenté entre les séquences génétiques du VIH - a été utilisée comme preuve scientifique pour déterminer si le défendeur et le plaignant partagent des souches de VIH similaires. Cependant, la preuve d'expert dans le seul procès qui a abouti à un acquittement

[2] ont mis en évidence de graves lacunes dans la manière dont ces preuves scientifiques ont été utilisées. De nombreuses questions relatives à l'utilisation et à l'interprétation correctes de la criminalistique du VIH ont déjà été soulevées aux États-Unis et en Europe. L'objectif de cet article est d'aborder l'hypothèse encore largement répandue mais erronée selon laquelle l'analyse phylogénétique peut fournir des preuves définitives de la source, de la route, de la direction et du moment de la transmission du VIH. Il existe, en fait, de nombreuses limitations quant à ce que cette preuve scientifique peut prouver de manière incontestable.

L'une des conditions pour que l'imprudence soit prouvée est que l'infection ait eu lieu *après que le* défendeur ait été informé de sa séropositivité. L'établissement du moment de l'infection par le VIH est donc très pertinent pour l'affaire. Lorsqu'il est possible que la transmission ait eu lieu soit avant le diagnostic du VIH du défendeur, soit après que le plaignant ait pris connaissance de la séropositivité du défendeur, cette prise de conscience sera pertinente pour savoir si le défendeur peut invoquer la défense de consentement.

Il est donc très complexe de prouver qu'il y a eu transmission du VIH entre deux personnes. Pour constituer un dossier d'accusation et, surtout, tirer les bonnes conclusions, il faut généralement une combinaison de preuves scientifiques et d'autres preuves cliniques et épidémiologiques, y compris un historique détaillé et documenté de la santé sexuelle du défendeur et du plaignant.

## Affaires et précédents juridiques

L'utilisation de l'analyse phylogénétique des séquences du VIH à des fins médico-légales a fait l'objet d'une

(CDC) a commencé à enquêter sur la transmission présumée du VIH d'un dentiste de Floride à ses patients au cours d'une opération dentaire [3]. L'enquête a duré deux ans, au cours desquels le dentiste est décédé. Bien que les rapports du CDC [4,5] aient conclu que jusqu'à six patients avaient pu être infectés par le dentiste, des questions subsistent quant à la méthodologie utilisée [6] et aucune charge pénale n'a jamais été retenue contre le dentiste.

En juillet 1991, divers médias américains ont publié le nom d'un deuxième dentiste de Floride chez qui le SIDA avait été diagnostiqué et qui avait ensuite fermé son cabinet pour des raisons de santé. L'analyse phylogénétique effectuée par les enquêteurs du CDC a exonéré le dentiste en concluant qu'il n'avait infecté aucun de ses 28 patients séropositifs [7,8].

L'analyse phylogénétique a été utilisée pour la première fois comme preuve dans un tribunal en Suède en 1992. Un homme séropositif avait déjà été condamné pour viol et transmission délibérée du VIH par le tribunal de district de Stockholm, sans avoir recours à des preuves médico-légales. Pour préparer son appel, l'accusation a demandé au Dr Jan Albert, virologue, et à ses collègues de l'Institut Karolinska et de l'Institut royal de technologie de Stockholm de déterminer si le suspect et sa victime présumée partageaient des souches de VIH similaires. Sur la base de leur analyse phylogénétique et d'autres preuves dans l'affaire, le verdict du tribunal de district a été confirmé par la cour d'appel. Il est important de souligner", ont écrit Albert et ses collègues, "que même si notre enquête a montré que les souches portées par l'homme et la femme étaient épidémiologiquement liées, nous n'avons pas pu déterminer la direction de la transmission, ni exclure formellement la possibilité que l'homme et la femme aient été infectés par un tiers. Il était donc essentiel que les résultats de notre enquête sur les séquences soient utilisés conjointement avec les autres informations épidémiologiques du cas. [9]

En 1997, dans l'affaire *State of Louisiana v. Richard J. Schmidt*, un médecin était accusé d'avoir tenté de tuer son ancienne compagne en lui injectant du sang infecté par le VIH et le virus de l'hépatite C provenant de ses patients. L'analyse phylogénétique a été jugée admissible lors d'une audience préliminaire, puis contestée par la défense. La Cour d'appel de Louisiane a estimé que l'analyse phylogénétique répondait aux normes judiciaires de preuve d'admissibilité [10]. Le Dr Schmidt a été reconnu coupable de tentative de meurtre au second degré et le verdict a été confirmé par la Cour suprême de l'État de Louisiane et la Cour suprême des États-Unis. Le Dr Michael Metzger, virologue, et ses collègues - qui avaient effectué l'analyse phylogénétique pour le compte de l'État de Louisiane - ont écrit dans un article de 2002 détaillant leurs méthodes : "Un précédent pour l'utilisation de l'analyse phylogénétique pour soutenir ou rejeter des cas de transmission virale criminelle a donc été établi dans les tribunaux des États-Unis". Ils soulignent

que "le rôle croissant des méthodes scientifiques et des tests d'hypothèses dans le système juridique met les scientifiques au défi de maintenir les plus hauts niveaux possibles de rigueur et d'objectivité" [11].

La première utilisation des analyses phylogénétiques de la séquence du VIH comme preuve admise dans un tribunal pénal américain a montré les aspects clés suivants.

- Des preuves claires d'une transmission possible entre deux individus étaient disponibles avant le test phylogénétique.
- Les preuves fournies par l'analyse phylogénétique n'étaient qu'une partie du dossier de l'accusation.
- Des tests indépendants ont été effectués par différents laboratoires.
- Des contrôles appropriés ont été obtenus auprès de la population locale.

Plusieurs autres juridictions, autres que celles d'Ecosse (2001) et d'Angleterre et du Pays de Galles (2003), ont autorisé l'utilisation de l'analyse phylogénétique comme preuve médico-légale dans des poursuites pénales pour transmission du VIH. Il s'agit notamment d'un homme poursuivi en Australie pour avoir transmis " sciemment et par imprudence " le VIH lors du viol d'un homme handicapé intellectuel [12] ; d'un homme condamné à 6 ans de prison au Danemark pour avoir abusé sexuellement d'un garçon de 12 ans et lui avoir également transmis le VIH [13] ; et d'un homme poursuivi pour avoir violé et transmis le VIH à six femmes en Belgique [14].

## Poids des témoignages d'experts dans un tribunal<sup>2</sup>

Le témoignage des virologues appelés à présenter les résultats de l'analyse phylogénétique est considéré comme une preuve d'expert, qui est une forme de preuve d'opinion. Les experts peuvent témoigner dans leur domaine de compétence, ce qui inclut l'explication d'informations techniques et l'expression d'une opinion sur la signification de ces informations ; ils ne sont pas autorisés à exprimer des opinions sur des questions qui relèvent de la compétence ordinaire du jury (la règle Turner).<sup>3</sup>

Traditionnellement, la common law empêchait un témoin expert de donner un avis sur le fait ultime en question, ce qui inclut la question de savoir si un défendeur était la source de l'infection par le VIH d'un plaignant. Cette règle semble avoir été abandonnée. Lorsque l'opinion d'un expert est donnée sur une question ultime, il est important de dire au jury qu'il n'est pas lié par l'opinion de l'expert et qu'il lui appartient de

décider du poids qu'ils lui accordent. Cependant, il est erroné de dire à un jury qu'il peut ignorer les preuves scientifiques lorsque les seules preuves présentées sur une question particulière dictent une réponse et que seul un scientifique est qualifié pour fournir cette réponse [15].

Dans les cas de transmission du VIH, l'opinion d'expert des virologues est d'une importance critique. Ils peuvent être autorisés à exprimer une opinion sur la question de savoir si les preuves phylogénétiques sont suffisamment convaincantes pour indiquer que le défendeur était la seule source possible de l'infection du plaignant.

## Pièges potentiels dans l'utilisation de l'analyse phylogénétique du VIH à des fins médico-légales

La fiabilité de l'analyse phylogénétique pour étudier la transmission du VIH entre deux individus doit être examinée en détail. Il convient de garder à l'esprit les considérations suivantes.

L'analyse phylogénétique est le plus souvent utilisée dans le contexte de la recherche scientifique sur des populations générales plutôt que sur des individus spécifiques. Dans le cadre de la recherche, l'analyse phylogénétique peut tolérer et tolère effectivement un certain degré d'approximation et d'erreur.

À des fins médico-légales, le séquençage du VIH et l'analyse phylo-génétique des séquences sont généralement réalisés dans des environnements de recherche plutôt que dans des installations médico-légales habituées à manipuler des échantillons dans le cadre de systèmes de suivi rigoureux. Ainsi, le cadre n'est généralement pas comparable à celui des laboratoires médico-légaux effectuant des analyses d'ADN humain et les conditions expérimentales sont probablement moins strictes. La force de tout lien apparent entre deux souches de VIH ne peut pas approcher les niveaux de certitude généralement attendus de l'analyse de l'ADN humain couramment utilisée dans les laboratoires de la police scientifique.

les cours pénales.

Les résultats de l'analyse phylogénétique sont représentés sous forme d'arbres phylogénétiques, chaque branche de l'arbre représentant la séquence du VIH d'un échantillon individuel. Dans l'analyse, les séquences VIH des deux parties étudiées sont comparées aux séquences provenant d'autres personnes infectées par le VIH. Ces dernières représentent les "témoins". Lors de la construction d'un arbre phylogénétique pour une analyse médico-légale du VIH, il est vital que l'arbre soit aussi impartial que possible, ce qui implique l'utilisation de témoins bien choisis. L'utilisation de témoins inappropriés peut faire ressortir à tort toute parenté détectée entre deux souches de VIH faisant l'objet d'une enquête comme étant étonnamment unique. L'obtention de contrôles corrects soulève d'autres questions liées au consentement à l'utilisation des données de séquençage et à la protection des bases de données générées dans la pratique clinique

<sup>2</sup>Ceci ne concerne que la loi en Angleterre et au Pays de Galles.

<sup>3</sup>*R v Turner* [1975] 1 All ER 70. "... les témoins experts doivent fournir à la cour les critères scientifiques nécessaires pour vérifier l'exactitude de leurs conclusions, afin de permettre au juge ou au jury de former leur propre jugement indépendant par l'application de ces critères aux faits prouvés en tant que preuves. (*R v Gilfoyle* [2001] 2 Cr App R 5).

---

courante. (D'autres discussions concernant les difficultés liées au consentement peuvent être trouvées dans la référence 19). Dans la plupart des cas, il sera difficile et souvent

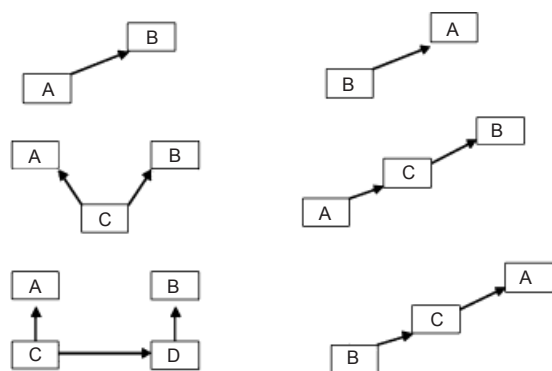


Fig. 1. Comment deux individus infectés par des souches de VIH apparentées peuvent être reliés. Si l'on prend deux individus (A et B) infectés par des souches de VIH apparentées par analyse phylogénétique, on peut proposer plusieurs scénarios susceptibles de donner des résultats similaires dans l'arbre phylogénétique. Les flèches indiquent la direction de la transmission. C et D font référence à des tiers.

impossible d'obtenir des échantillons des contrôles appropriés. Dans ces circonstances, des ensembles de contrôles pratiques peuvent être téléchargés à partir de bases de données publiques. Cependant, l'interprétation des résultats devra être particulièrement prudente.

Lorsque l'analyse phylogénétique montre que les deux souches de VIH étudiées sont plus apparentées l'une à l'autre qu'aux souches témoins, il est néanmoins important de se rappeler que des souches de VIH similaires peuvent se retrouver chez bien plus que deux individus si l'un ou les deux font partie d'un réseau de transmission plus large. La majorité des personnes infectées par le VIH font partie d'un tel réseau. Par conséquent, même avec les contrôles appropriés, l'analyse phylogénétique ne peut pas prouver la transmission. Toutes les circonstances suivantes peuvent donner des résultats similaires en analyse phylogénétique (Fig. 1) :

- le défendeur a été infecté par le plaignant ;
- le plaignant a été infecté par un tiers avec une souche virale similaire ;
- le plaignant et le défendeur ont tous deux été infectés par un ou plusieurs tiers avec des souches virales similaires ;
- le plaignant était déjà séropositif et a été réinfecté (également appelé surinfecté) par une autre souche du VIH, soit par le défendeur, soit par un tiers.

Les laboratoires doivent faire preuve d'une grande prudence lorsqu'ils effectuent une analyse phylogénétique de séquences de VIH générées à des fins de routine (généralement des tests de résistance aux médicaments), car l'identification d'éventuelles "correspondances" peut avoir de graves conséquences. Des directives claires doivent être adoptées pour déterminer quand et comment

## Normes acceptables

Compte tenu des considérations ci-dessus, les preuves provenant des arbres phylo-génétiques doivent être considérées dans le contexte de l'ensemble des autres preuves et ne doivent jamais constituer le point de départ ou le point central d'une enquête. En outre, certains critères doivent être respectés dans l'analyse [14, 16, 17]. Le processus doit répondre aux normes judiciaires d'admissibilité des preuves.

l'analyse doit être menée, si le consentement doit être obtenu et si les résultats doivent être communiqués aux patients.



## Méthodologie

Il est primordial que des précautions soient prises pour minimiser la possibilité d'erreur d'échantillon (par exemple, par contamination ou mauvais étiquetage). Le maintien de la chaîne de conservation doit recevoir la plus haute priorité et les mouvements des échantillons doivent être étroitement enregistrés et des protocoles rigoureux appliqués. Il n'existe que quelques laboratoires ayant une expérience adéquate. Si une analyse phylogénétique est demandée à un laboratoire de recherche sans expérience médico-légale, il incombe au demandeur de souligner l'importance du suivi des échantillons.

Pour minimiser le risque d'erreurs de laboratoire, il faut tester au moins deux échantillons de chaque partie étudiée à deux moments différents, et les résultats doivent être cohérents.

Il est préférable que les personnes effectuant les tests et les analyses phylogénétiques ne connaissent pas l'identité des échantillons étudiés. Étant donné qu'il existe de nombreuses façons de construire et d'analyser des arbres phylogénétiques, les personnes effectuant l'analyse ne doivent pas être au courant de la direction de transmission proposée et des autres circonstances de l'affaire.

Dans l'idéal, les échantillons de chaque personne devraient donc être testés dans deux laboratoires indépendants, en aveugle, ce qui éliminerait la possibilité d'une erreur de laboratoire et d'un biais de l'investigateur.

Au moins deux régions génétiques de longueur raisonnable (2 500 nucléotides, selon le gène étudié) doivent être séquencées. La sélection doit cibler des gènes ayant des fonctions biologiques différentes, des taux d'évolution différents et des pressions sélectives différentes. Il convient en particulier d'être prudent lorsque l'on utilise la région de la polymérase (*pol*) pour des patients sous traitement, car des régimes de traitement similaires peuvent amener le virus à accumuler des mutations similaires, provoquant une apparente parenté en l'absence de lien épidémiologique direct. Ce problème peut être résolu en excluant de l'analyse les positions de résistance aux médicaments [18]. La meilleure stratégie, cependant, serait l'analyse du génome complet, également appelée séquençage intégral, bien que dans la plupart des cas, cela ne soit pas économiquement réalisable.

Il existe de nombreuses manières différentes de construire un arbre phylogénétique et le choix repose sur la fiabilité des méthodes utilisées pour construire l'arbre - y compris les gènes VIH particuliers analysés - ainsi que sur l'objectif de l'arbre. Des analyses statistiques rigoureuses doivent être effectuées. La composition de la population témoin doit être clairement indiquée. Le choix de contrôles épidémiologiques suffisants et appropriés est essentiel dans le contexte de réseaux sexuels souvent complexes qui existent principalement (mais pas exclusivement) parmi les hommes homosexuels et les autres hommes ayant des rapports sexuels avec des hommes. Concrètement, cela signifie qu'il faut analyser une trentaine d'autres souches de VIH provenant d'individus qui sont de la même origine géographique, du même contexte social et du même réseau de transmission potentiel que le défendeur et le plaignant. Ainsi, si un certain réseau social est apparent (par exemple, un club, un parc de drague ou un sauna), les contrôles devraient refléter ceci.

Les échantillons des parties faisant l'objet de l'enquête et des contrôles doivent être prélevés à peu près au moment de l'événement de transmission présumé ou au moins dans les quelques années qui suivent.

Lorsqu'un arbre phylogénétique simple suggère une parenté génétique entre des virus portés par deux individus, l'analyse de plusieurs clones génétiques de chaque personne peut renforcer la relation proposée.

Les techniques actuelles ne permettent pas une estimation fiable de la direction de la transmission. Cependant, des recherches sont menées sur ce sujet, qui indiquent qu'une telle estimation devient plus fiable si les échantillons sont obtenus très tôt après l'événement de transmission présumé, si une analyse clonale est effectuée et/ou si des séquences multiples sont obtenues de la source et du receveur.

## Interprétation

L'analyse phylogénétique ne peut jamais fournir la seule preuve de la transmission et ne doit pas servir de point de départ pour construire une "histoire" en choisissant des éléments de preuve pratiques qui soutiendraient la relation. L'analyse doit être utilisée dans le contexte de toutes les preuves disponibles. La question importante à se poser lors de l'interprétation des informations fournies par un arbre phylogénétique est la suivante : "Dans quelle mesure peut-on être sûr d'exclure d'autres facteurs de risque d'infection et l'implication d'autres parties dans la chaîne de transmission ?".

Lorsque l'analyse phylogénétique indique que les deux souches de VIH étudiées ne sont pas apparentées, les preuves doivent être considérées comme suffisamment solides pour exclure la possibilité d'une transmission. L'enquête peut donc disculper les personnes suspectées.

Lorsque l'analyse phylogénétique indique que les deux souches de VIH à l'étude sont apparentées, la sélection appropriée de témoins permettra d'accroître la confiance dans l'efficacité de l'analyse phylogénétique.

La relation observée reflète une véritable transmission directe. Cependant, même avec les meilleurs contrôles, il peut être impossible de savoir avec certitude que la transmission s'est faite directement de l'un à l'autre sans l'intervention d'un ou plusieurs individus. Il faut reconnaître que la relation montrée par l'arbre phylogénétique ne peut pas être facilement traduite en une déclaration définitive sur la possibilité de transmission qui serait au-delà du doute raisonnable. Même si le soutien statistique pour un lien étroit entre les individus étudiés est de 100%, cela n'implique pas que la preuve d'une transmission directe soit de 100%.

Ainsi, l'interprétation appropriée comprendrait les questions suivantes.

- Les contrôles appropriés ont-ils été inclus ?
- Les deux virus sont-ils plus proches l'un de l'autre que des témoins ?
- Y a-t-il quelqu'un d'autre infecté par le virus qui est, ou pourrait être, également concerné ?
- Existe-t-il d'autres preuves épidémiologiques du lien entre les individus ?

Les experts doivent être prêts à reconnaître les limites des déductions qui peuvent être faites et à choisir le langage correct dans les témoignages écrits et verbaux. Par exemple, le langage correct devrait être : Les séquences virales des deux sujets présentent un niveau élevé de similitude et sont plus étroitement liées les unes aux autres qu'à d'autres souches circulant dans une population ayant le même profil épidémiologique". Les déclarations doivent inclure la possibilité qu'une tierce personne inconnue soit impliquée, et que la direction de la transmission ne peut être prouvée.

## Conclusion

Il est important que toute personne impliquée dans le système de justice pénale soit pleinement consciente des limites de l'analyse phylogénétique avant d'utiliser ses résultats comme preuve irréfutable de la transmission du VIH entre deux individus. Les preuves phylogénétiques, dans le contexte d'autres preuves cliniques et épidémiologiques, peuvent étayer le lien entre les cas, mais ne peuvent pas, en soi, constituer une preuve de transmission. Les témoins experts doivent reconnaître les limites des déductions qui peuvent être faites et choisir le bon langage dans les témoignages écrits et verbaux. Il est inacceptable de surinterpréter les résultats des analyses phylogénétiques, même si l'expert est convaincu de la culpabilité ou de l'innocence de l'accusé.

## Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier les personnes suivantes pour leurs commentaires et leurs idées au cours de la rédaction de ce rapport.

papier : Catherine Dodds, Sigma Research ; Lisa Power, Terrence Higgins Trust ; Quincy Whitaker, Doughty Street Chambers.

## Références

- 1 Crown Prosecution Service. *Prosecuting Cases Involving the Sexual Transmission of Infections which Cause Grievous Bodily Harm*. [http://www.cps.gov.uk/news/consultations/sti\\_policy.html](http://www.cps.gov.uk/news/consultations/sti_policy.html) 2006.
- 2 Carter M. *Poursuite pour transmission imprudente du VIH en L'Angleterre se termine par un verdict de non-culpabilité*. [R. v Collins. ] 9 août 2006. <http://www.aidsmap.com/en/news/9770EEA6-020F-440A-9224-D7BAD7784A69.asp> 2006.
- 3 Centres de contrôle et de prévention des maladies. Transmission possible du virus de l'immunodéficience humaine à un patient au cours d'une procédure dentaire invasive. *Morbidité et mortalité Weekly Report* 1999 ; **39** : 489-493 (disponible à l'adresse <http://www.cdc.gov/MMWR/preview/mmwrhtml/00001679.htm>).
- 4 Ciesielski C, Marianos D, Ou CY *et al*. Transmission du virus de l'immunodéficience humaine dans un cabinet dentaire. *Ann Intern Med* 1992 ; **116** : 798-805.
- 5 Ou CY, Ciesielski CA, Myers G *et al*. Molecular epidemiology of HIV transmission in a dental practice. *Science* 1992 ; **256** : 1165-1171.
- 6 Altman LK. Le mystère du SIDA qui ne disparaît pas : un dentiste a-t-il infecté 6 patients ? *New York Times*. <http://query.nytimes.com/gst/fullpage.html?sec=health&res=9C02E0DB1E3CF936A35754C0A962958260> 1994.
- 7 Jaffe HW, McCurdy JM, Kalish ML *et al*. L'absence d'infection par le VIH. transmission dans le cabinet d'un dentiste atteint du SIDA. *Ann Int Med* 1994 ; **121** : 855-859.
- 8 Myers G. Investigation moléculaire de la transmission du VIH. *Ann Int Med* 1994 ; **121** : 889-890.
- 9 Albert J, Wahlberg J, Leitner T, Escanilla D, Uhle'n M. Analyse d'un cas de viol par séquençage direct des gènes pol et gag du VIH-1. gènes. *J Virol* 1994 ; **68** : 5918-5924.
- 10 État de Louisiane, 15e tribunal de district judiciaire, paroisse de Lafayette. (*Dossier criminel 73313*) *Motifs de la décision du juge Durwood Conque de la 15e cour de district judiciaire de l'État de Louisiane 1997 ; État de Louisiane contre Richard J. Schmidt 699 So. 2d, 488, K97-249 Cour d'appel de LA, 3e circuit 1997 ; ordonnance refusée 706 So 1997 ; 2d (451) : 97-2220 LA 1997.*
- 11 Metzker ML, Mindell DP, Liu XM, Ptak RG, Gibbs RA, Hillis DM. Preuve moléculaire de la transmission du VIH-1 dans une affaire criminelle. *Proc Natl Acad Sci USA* 2002 ; **99** : 14292-14297.
- 12 Birch CJ, McCaw RF, Bulach DM *et al*. Analyse moléculaire de la souches du virus de l'immunodéficience humaine associées à un cas de transmission criminelle du virus. *J Infect Dis* 2000 ; **182** : 941-944.
- 13 Machuca R, Jorgensen LB, Theilade P, Nielsen C. Enquête moléculaire sur la transmission du virus de l'immunodéficience humaine de type 1 dans un cas criminel. *Clin Diagn Lab Immunol* 2001 ; **8** : 884-890.
- 14 Lemey P, Derdelinckx I, Rambaut A *et al*. Empreinte moléculaire de la pression sélective des médicaments dans un organisme humain chaîne de transmission du virus de l'immunodéficience. *J Virol* 2005 ; **79** : 11981-11989.
- 15 *Anderson v R* [1972] AC100 (HL). 1972.
- 16 Leitner T, Albert J. Reconstruction of HIV-1 transmission chains for forensic purposes. *AIDS Rev* 2000 ; **2** : 241-251.
- 17 Learn GH, Mullins JI. The microbial forensic use of HIV sequences, In : Leitner T, Foley B, Hahn B *et al*. eds. *HIV Sequence Compendium 2003*. Los Alamos, Nouveau-Mexique : Los Alamos National Laboratory, 2004 : 22-37.
- 18 Lemey P, Van Dooren S, Van Laethem K *et al*. Test moléculaire des transmissions multiples du VIH-1 dans un établissement criminel. l'affaire. Dans : Leitner T, Foley B, Hahn B *et al*. eds. *HIV Sequence Compendium 2003*. Los Alamos, Nouveau-Mexique : Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, Nouveau-Mexique, 2004.
- 19 Anderson J, Chalmers J, Nelson M *et al*. *HIV Transmission, the Law and the Work of the Clinical Team. A Briefing Paper*. Projet pour consultation, British HIV Association. <http://www.bhiva.org/> 2006.