

Le recueil des indices pour les empreintes génétiques en odontologie légale

RÉSUMÉ



Christophe BOU

Docteur en chirurgie dentaire,
MCU-PH. Département Santé publique,
Odontologie légale,
UFR d'Odontologie Bordeaux,
16-20, cours de la Marne,
33082 Bordeaux cedex.

Larbi BÉNALI

Docteur en médecine,
Médecin-légiste,
Chef de clinique. Service médecine légale,
CHU Bordeaux.

Johan SAMOT

Docteur en chirurgie dentaire,
AHU. Département Sciences biologiques,
UFR d'Odontologie Bordeaux.

Nicolas GLOCK

Docteur en chirurgie dentaire,
DESCB. CHU Bordeaux.



L'odontologie légale est un partenaire essentiel de la médecine légale pour identifier un individu, qu'il soit suspect dans une affaire juridique ou victime dans le cas d'une agression ou d'une catastrophe de masse.

Les échantillons buccaux d'origine biologique (salive, cellules jugales) et les échantillons d'origine dentaire amènent de nouvelles sources d'ADN exploitables.

Le recueil des indices pour ces empreintes génétiques est essentiel car aujourd'hui de nombreux kits de prélèvements et d'analyses ont été commercialisés aboutissant à une automatisation de la technique même si le protocole peut varier en fonction de la méthodologie utilisée.

Mots clés

- odontologie légale
- ADN
- salive
- tissu pulpaire
- identification

AOS 2010;252:393-404
DOI: 10.1051/aos/2010410
© AEOS / EDP Sciences

Introduction



L'odontologie légale, utilisée en complément de la médecine légale, participe à l'identification de sujets découverts morts dont l'identité est inconnue, mais elle permet également d'identifier des sujets pour lesquels une reconnaissance visuelle par les proches est impossible, et lorsque les empreintes digitales sont inexploitable.

Le spécialiste en identification odontologique interviendra indifféremment, que la cause soit naturelle ou suspecte, que le sujet ait été découvert individuellement ou qu'il s'agisse d'une catastrophe de masse.

L'évolution des techniques biologiques va permettre à l'odontologie légale de trouver une place prépondérante dans l'équipe de recherche ; en effet, les méthodes d'analyse de l'ADN sont de plus en plus précises et possibles sur des échantillons de plus en plus petits et dégradés.

L'analyse génomique des cellules d'origine buccale se fait de manière courante, que ce soit pour les cellules jugales, les cellules salivaires, ou bien la pulpe dentaire.

De plus l'organe dentaire, grâce à ses caractéristiques physico-chimiques, va préserver le matériel génétique contre les diverses agressions et ce pendant une durée dans le temps plus grande que n'importe quelle autre structure cellulaire humaine.

L'ADN contenu pour l'essentiel dans le noyau de la cellule possède quatre propriétés intéressantes : une transmission mendélienne, une stabilité au cours de la vie d'un individu, un polymorphisme important et un fort taux d'hétérozygotie.

Deux principales applications s'en déduisent : la recherche en paternité et l'identification d'individus à partir de toute trace biologique.

Les techniques utilisées pour mettre en évidence le polymorphisme de l'ADN permettent aujourd'hui d'obtenir, dans de courts délais, des résultats extrêmement précis à partir d'échantillons ne contenant qu'une quantité infime de produit biologique.

Elles imposent, en contrepartie, des précautions rigoureuses pour parer aux risques de contamination qui compromettraient la fiabilité des analyses.

Généralités sur l'ADN

Les recherches de J. Watson et F. Crick [1] ont montré que la macromolécule d'ADN nucléaire était composée de deux chaînes complémentaires de nucléotides qui s'emboîtent tout en s'enroulant l'une autour de l'autre pour former une double hélice droite.

L'ADN du génome est composé de deux parties :

- une première dite codante qui représente entre 10 et 15 % de la molécule. Cette portion de gènes sera transcrite et ensuite traduite en protéines. Elle représente le support de l'information génétique nécessaire à la vie de l'individu ;
- une seconde, appelée « non codante » représente la plus grande partie du génome (85 à 90 % chez l'homme). L'analyse de cette partie a permis de mettre en évidence des régions variables : il s'agit de segments d'ADN caractérisés par la répétition en tandem d'unités de base composées de deux ou plusieurs nucléotides.

La taille de ces fragments varie en fonction du nombre de répétitions et va permettre de déterminer le profil génétique d'un individu.

Complémentairement, l'ADN mitochondrial (ADN-mt), présent dans le cytoplasme, peut éga-

lement être utilisé pour l'expertise génétique, il comporte environ 16 000 bases. Sa séquence est entièrement connue et présente deux régions hypervariables dans la région D-Loop appelées HV1 et HV2.

Ces deux séquences ont un très grand pouvoir informatif par le fait d'un grand nombre de mitochondries dans une cellule mais surtout par la variation des séquences entre les individus.

Le polymorphisme

Selon Harry, « Une population se définit comme étant l'ensemble des individus d'une même espèce vivant dans une zone géographique donnée. Une espèce est donc constituée d'un ensemble de populations géographiques. La variabilité en génétique des populations est qualifiée de polymorphisme. » [2]

En génétique des populations, les termes locus et allèles seront pris au sens large puisque locus désignera toute portion d'ADN et allèle toute variation identifiable à un locus donné.

Un gène ou une séquence d'ADN sera dit polymorphe s'il entraîne l'existence au même locus d'au moins deux formes différentes de séquence, appelées allèles, à une fréquence égale ou supérieure à 1 %.

Le polymorphisme d'une séquence d'ADN va donner son informativité. En effet, les bons marqueurs génétiques sont choisis en fonction de leur informativité c'est-à-dire en fonction de leur capacité à entraîner l'existence de différentes séquences bi- ou multi-alléliques à divers loci sur l'ADN.

On parlera, selon l'échelle considérée, de polymorphisme moléculaire (au niveau de la séquence d'ADN), de polymorphisme biochimique (au niveau des protéines par exemple), ou de polymorphisme chromosomique (touchant la structure des chromosomes).

La recherche des marqueurs génétiques se fait essentiellement au niveau du polymorphisme moléculaire que ce soit en médecine légale, en recherche génétique ou en diagnostic médical.

Les marqueurs génétiques présentent deux types de polymorphismes différents : le polymorphisme de substitution et le polymorphisme de répétition.

> Le polymorphisme de substitution

Ce polymorphisme bi-allélique représenté principalement par les SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), est basé sur l'étude du remplacement d'un nucléotide par un autre.

Les SNP sont des microsatellites, ils sont très abondants, stables et distribués uniformément dans le génome. Ils sont présents tous les 100-300 Pb en moyenne mais, du fait de leur nombre, ils sont beaucoup moins informatifs que les STRs.

> Le polymorphisme de répétition

Il est lui multi-allélique. C'est la répétition en tandem d'une séquence déterminée où le nombre de répétitions varie d'un sujet à l'autre. Il y a les mini-satellites tels que les VNTRs (*Variable Numbers of Tandem Repeats*) et les microsatellites représentés surtout par les STRs (*Short Tandem Repeats*).

Les VNTRs ont une structure du genre (CAGCAT-CAGGTTA)_n où la séquence est répétée n fois.

Les STRs généralement composés de 2 Pb ont une structure de type (CA)_n.

Le polymorphisme de l'ADN mitochondrial (ADN-mt) n'est pas lié à des variations de longueur comme pour l'ADN génomique, mais à des variations dans la composition en nucléotides dites « polymorphisme de structure ».

Une autre caractéristique de l'ADN-mt est son hérédité maternelle. En effet, l'ovule est bien fourni en mitochondries (entre 100 000 et 200 000) alors que le spermatozoïde n'en

contient qu'un petit nombre qui ne persiste pas dans la descendance. La mère transmet donc son ADN-mt à tous ses enfants mais seules les filles le transmettront à leur tour à leur progéniture. Par ailleurs, le polymorphisme de l'ADN-mt est moins marqué que celui de l'ADN nucléaire et l'analyse qui en est faite est donc moins discriminante. Il présente néanmoins un double intérêt :

- préservé par la haute résistance de la mitochondrie, il peut être analysé sur des traces anciennes ou fortement dégradées sur lesquelles l'ADN nucléaire n'est plus exploitable ;
- il peut également permettre d'expertiser des tissus biologiques dépourvus d'ADN nucléaire, mais riches en mitochondries, comme les cheveux sans bulbe.

Les échantillons d'origine buccale

En médecine légale, les deux sources d'ADN possibles pour une empreinte génétique sont le sang et les cellules buccales.

Les cellules buccales représentent une bonne alternative au prélèvement sanguin de par son caractère non invasif, sa facilité de mise en œuvre et la possibilité de plusieurs sources de prélèvement : la salive et les cellules jugales essentiellement, l'organe dentaire dans certaines circonstances ultimes.

La salive

> Détection de la salive

La salive, sécrétion hydro-ionique, est produite par les glandes parotides, sous-maxillaires et accessoirement par les glandes sublinguales. Elle est constituée d'eau (97 à 99,5 %), d'électrolytes (ions sodium, potassium, phosphate et bicarbonate), de mucine, de lysozyme et d'anticorps (IgA).

La salive proprement dite est pauvre en cellules, cependant on y retrouve des cellules décrochées des parois buccales (desquamation des parois jugales, du palais, des muqueuses gingivales) et des canaux excréteurs des glandes salivaires.

La phase préalable à une analyse d'ADN est la détection de salive sur un support biologique

(morsure) ou non biologique (mégot de cigarette, timbre, etc.).

Cette détection se fait grâce à l'amylase, enzyme qui hydrolyse les polymères de l' α -D-glucose au niveau des liaisons $\alpha(1-4)$, cassant ainsi les ponts reliant les chaînes de l'amidon pour en faire des sucres plus petits.

Les travaux de Hedman *et al.* mettent en évidence que les niveaux d'activité de l'amylase et la concentration d'ADN dans la salive ne sont pas significativement corrélés et varient entre les individus [3-6].

La mise en évidence de l'amylase s'effectue :

- soit par la recherche d'une activité enzymatique d' α -amylase;
- soit par la recherche directe de la présence d' α -amylase par l'intermédiaire d'une anti-amylase.

Les concentrations relativement élevées d' α -amylase retrouvées dans la salive humaine en comparaison des autres fluides corporels nécessitent l'utilisation de test pour la détection à la fois sensible et spécifique pour confirmer l'utilité ou pas d'effectuer une analyse ADN [7-8].

• Détection de l'activité enzymatique de l' α -amylase

La détection de l'activité enzymatique de l' α -amylase est une méthode très utilisée aujourd'hui.

d'hui pour sa simplicité, sa rapidité et son efficacité [8].

Il existe trois tests commerciaux principaux pour analyser des échantillons susceptibles de contenir de la salive :

- le système SALIgAE® (Abacus Diagnostic, Inc., West Hills, CA),
- le système Starch-iodine Mini Centrifuge Test®,
- le système Phadebas Amylase Test® (Magle Life Sciences, Lund, Suède).

Ces trois méthodes utilisent la colorimétrie pour démontrer la présence ou non de salive dans l'échantillon et se basent sur l'activité de l'amylase. Le protocole opératoire des divers tests diffère dans le choix de dilution, le temps de centrifugation et la méthode de coloration utilisée.

Une étude comparative de ces trois méthodes met en évidence une sensibilité et une spécificité supérieure à la présence d'activité enzymatique de l'amylase et donc de la salive par le système Phadebas® lors de conditions limites d'utilisation [9-10].

• Détection de l'amylase

Il est possible d'identifier directement la présence de l'enzyme amylase grâce à un anticorps,

une anti-amylase qui va se fixer avec l'amylase pour être détecté par la suite par immunochromatographie [11].

Cette méthode appelée RSID-Saliva (*Rapid Stain Identification test for Saliva*) est très efficace et très spécifique à des concentrations faibles d' α -amylase, et surtout d'une grande facilité d'utilisation [12].

> Le prélèvement de la salive

La salive est susceptible d'être retrouvée sur une plus grande variété d'échantillons que le sang ou le sperme. Le prélèvement s'effectue en fonction de la surface sur laquelle est déposé l'échantillon salivaire.

Si la surface de prélèvement est découppable, une portion du matériau est directement envoyée au laboratoire pour éviter toute perte de matériel génétique.

Dans le cas contraire, le prélèvement se fait en deux temps, un premier écouvillonnage est effectué à l'aide d'un écouvillon stérile légèrement humidifié avec du sérum physiologique. Dans un deuxième temps, un autre prélèvement avec un écouvillon stérile et sec est effectué sur la même zone.



Fig. 1 Exemple d'un système de prélèvement.

Il est recommandé de faire sécher chacun des prélèvements et replacer l'écouvillon dans le tube protecteur avant de l'envoyer au laboratoire [13-15].

Les cellules jugales et buccales

Le prélèvement des cellules jugales représente une alternative nécessitant moins de matériel et une mise en œuvre simplifiée. Il peut se faire selon une méthode classique ou une méthode composée à l'aide de papier FTA®.

> Selon la méthode classique

Selon cette méthode, il existe de nombreuses solutions pour réaliser un prélèvement : le rince-bouche, le « tampon », le coton-tige, le pinceau, la microbrush ou micro-brossette.

Le prélèvement avec la microbrush se réalise en plaçant la brosette contre la face interne de la joue et en effectuant quelques mouvements de va-et-vient en grattant légèrement.

L'échantillon est ensuite placé dans un tube stérile et envoyé au laboratoire.

L'utilisation du tampon s'effectue en plaçant ce dernier contre la joue pour ensuite le mâcher comme un chewing-gum. Le tampon est mis par la suite dans un tube stérile hermétique pour être conservé à une température de 20 °C.

Un système de prélèvement développé par la société Bode, le *Buccal DNA Collection System*,

à l'avantage d'éviter toute contamination ou erreur de prélèvement.

Le protocole se fait en quatre temps, dans un premier temps on enlève la brosette de son étui avec le pouce, on la place contre la joue et ensuite on réalise des mouvements de va-et-vient pour enfin remettre la microbrush dans son étui.

> Selon la méthode composée à l'aide de papier FTA®

FTA® est un traitement chimique sur papier Whatman qui permet l'extraction et le stockage rapide d'ADN.

Grâce aux accessoires de prélèvement contenus dans le kit lorsque les échantillons sont appliqués sur du papier FTA®, la lyse cellulaire s'effectue et l'ADN de haut poids moléculaire est immobilisé dans la matrice.

Ainsi l'ADN est protégé contre les actions des nucléases, des UV, des attaques fongiques ou bactériennes, et des oxydations. La carte FTA® peut alors être transportée à température ambiante jusqu'au laboratoire ou bien stockée à température ambiante en vue d'une analyse ultérieure. Cette carte permet plusieurs prélèvements à la fois.

La méthode de prélèvement par carte FTA® est donc une méthode en deux temps permettant la conservation mais aussi la préparation à l'amplification génique. Pour effectuer une analyse,



Fig. 2 Système « Buccal DNA Collection System », société Bode.



Fig. 3 Divers supports utilisant le principe papier FTA®.

il suffit de découper une rondelle de papier ou « punch » avec un emporte-pièce et de le placer dans un microtube.

Après quelques étapes de lavage et de rinçage, il suffira d'ajouter les réactifs d'analyse par PCR pour analyser l'ADN présent à la surface du papier.

Les échantillons d'origine dentaire

L'utilisation de la dent pour analyser l'ADN revêt un choix particulier même pour des échantillons provenant de populations historiques [16-17]. En effet, l'inconvénient majeur rencontré dans toute analyse du génome concerne celui de la contamination croisée. De nombreuses études ont mis en évidence la plus grande difficulté rencontrée à décontaminer par divers traitements de surface un échantillon osseux plutôt qu'une dent [18, 19].

Les méthodes les plus utilisées sont l'exposition aux UV, l'utilisation d'hypochlorite à 10 % ou « bleach » ou encore le retrait des premières couches superficielles de tissu dentaire [20].

La source principale d'ADN des échantillons d'origine dentaire se trouve protégée par l'émail, la dentine et le cément et se situe essentiellement au niveau de la cavité centrale de la dent ou chambre pulpaire, il s'agit de la

pulpe dentaire, tissu conjonctif richement vascularisé et innervé. Ce tissu pulpaire contient des fibroblastes, des fibrocytes, des cellules de défense, des cellules nerveuses et des odontoblastes. Ces cellules seront la source d'ADN, que ce soit au niveau nucléaire ou mitochondrial [21].

Sur une dent présentant un traitement endodontique, il est possible de retrouver de l'ADN au niveau des tubulis dentinaires. L'analyse porte alors le plus souvent sur les séquences HV1 et HV2 de l'ADN mitochondrial.

L'extraction de l'ADN pulpaire

L'optimisation du recueil de l'information génomique sera corrélée à la qualité de l'extraction du tissu pulpaire. Il existe plusieurs méthodes, cependant l'étape préalable commune concerne

la décontamination de la dent selon les diverses techniques évoquées avant.

La différence essentielle entre les diverses méthodes existantes réside d'une part dans la dégradation ou la préservation de la structure dentaire, d'autre part dans la capacité d'accessibilité au tissu pulpaire dans son intégralité ou non.

L'ensemble du matériel utilisé est stérile ou à usage unique : disques carbone, mandrins, pièce à main, syndesmotome droit, curette, sonde.

> *Le crushing ou broyage*

Le crushing consiste en un broyage complet de la dent, que ce soit par une méthode manuelle (mortier/pilon) ou par une méthode mécanique (concasseurs).

Une fois la dent broyée, le broyat est décalcifié avec de l'EDTA, puis rincé pour pouvoir être analysé. Il existe un risque d'endommager le matériel génétique pulpaire par cette méthode mais, grâce à la sensibilité de la PCR, l'analyse reste largement possible.

L'inconvénient majeur de cette technique est son invasivité. En effet il y a perte totale de la morphologie dentaire initiale.

> *Le broyage cryogénique ou cryo-broyage*

Le cryo-broyage utilise un liquide cryogénique (azote liquide) pour refroidir avec précision les

matériaux jusqu'à leur point de fragilisation afin d'en faciliter la réduction mécanique.

Dans cette technique, l'extraction pulpaire se fait aussi par broyage mais, afin de faciliter la procédure, la dent sera congelée à l'aide de liquide nitrogène.

La dent sera ensuite broyée en fine poudre.

C'est une méthode plus rapide mais toujours très invasive car il y a destruction totale de la dent [22].

> *La fracture verticale*

L'objectif principal de la fracture verticale est d'accéder à l'intégralité du tissu pulpaire.

Après décontamination, cette méthode comprend deux temps, une première phase ou incision de la dent selon ses différentes faces sans atteindre la cavité pulpaire (disque diamanté/carborundum), suivi d'une deuxième phase ou fracture par clivage au niveau des traits d'incision à l'aide d'un syndesmotome.

La difficulté réside dans l'obtention d'un trait de fracture intéressant à la fois la pulpe coronaire et radulaire tenant compte de la morphologie corono-radulaire.

Une fois la dent séparée, la pulpe est prélevée à l'aide d'une curette et d'une sonde pour permettre d'accéder aux anfractuosités camérales. L'ensemble est placé dans un tube stérile prêt à être purifié pour analyse.

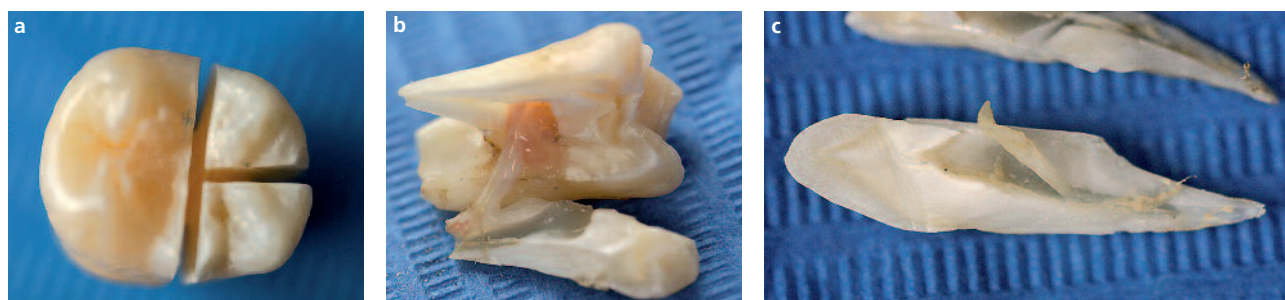


Fig. 4 a à c Fracture verticale (dent pluri- et mono-radulée).

> La fracture horizontale

La fracture ou section horizontale consiste à sectionner la dent au niveau de la jonction émail-cément selon un plan horizontal. Cette technique permet d'accéder à la pulpe tout en conservant la morphologie coronaire.

Cependant elle donnera quantitativement moins de matériel génétique que la section verticale, car l'accès à la pulpe radiculaire n'est pas possible.



Fig. 5 Fracture horizontale corono-radicaire.

> L'accès endodontique

L'accès endodontique consiste à trépaner la couronne dentaire par voie occlusale ou par voie rétrograde pour atteindre le tissu pulpaire.

Il est difficile d'obtenir suffisamment de matériel génétique par cette méthode.

De plus, la présence de certaines restaurations dentaires occlusales peut troubler le prélèvement pulpaire.

Quelle que soit la technique utilisée, le prélèvement pulpaire devra être purifié afin d'extraire tous éléments autres que l'ADN nucléaire et mitochondrial.

Pour la technique du broyage, on utilisera une solution d'EDTA pour décalcifier les minéraux et une solution de protéinases pour rompre les protéines et les membranes. L'ensemble subira ensuite des rinçages successifs et sera mis en centrifugeuse. L'ADN se dépose au fond du tube et il est prêt à être étudié.

Pour les techniques de récupération directe de l'ADN pulpaire, la technique sera légèrement différente. Il n'y a pas ici l'utilisation de l'EDTA. La purification se fait à l'aide de protéinases qui vont dégrader les éléments protéiniques cellulaires. Par rinçages successifs et centrifugation, on arrive à l'ADN voulu. L'EDTA pourra être aussi utilisé pour éliminer d'éventuels inhibiteurs de la PCR (*Polymerase Chain Reaction*).

Après extraction et purification de l'ADN pulpaire, celui-ci sera étudié à l'aide de kits génétiques. L'analyse portera sur l'ADN nucléaire ou sur l'ADN mitochondrial.

Discussion et synthèse

Pour une identification de suspect dans une affaire juridique, on fera appel aux échantillons buccaux et au sang, tandis que pour une identification de victimes dans une catastrophe de masse ou d'un cadavre soumis à des conditions extrêmes de conservation (agressions physico-chimique, temps, et température), la dent

pourra être une source plus fructueuse pour conduire à l'obtention d'une empreinte génétique.

L'association d'un prélèvement de cellules jugales avec de la salive est à la base aujourd'hui des prélèvements pour analyse génétique. En France, le prélèvement buccal est majoritari-

rement employé dans le domaine judiciaire. Il est utilisé dans les problèmes de filiation, de recherches d'identités sur une scène de crime ou d'accidents et dans l'enregistrement de la personne dans le fichier génétique F.N.A.E.G. (Fichier national automatisé des empreintes génétiques).

Les échantillons buccaux représentent une source non invasive d'ADN qui permet de réaliser des empreintes génétiques à moindre coût par rapport au sang mais surtout de les analyser de façon automatique en grand nombre.

En effet, aujourd'hui de nombreux kits de prélèvements et d'analyses ont été commercialisés aboutissant à une automatisation de la technique même si le protocole peut varier suivant le kit utilisé.

Les cartes FTA ont permis une diminution des contaminations et une meilleure conservation des échantillons. La carte peut être transportée et conservée à température ambiante mais, surtout, elle va permettre par processus chimique

de fixer l'ADN sur la carte afin de préparer les tronçons génétiques à l'analyse (principe utilisé pour les échantillons répertoriés à la FNAEG).

La dent va être utilisée différemment mais possède une place importante au sein de l'odontologie légale par son incroyable résistance aux facteurs d'agressions externes. L'ADN pulpaire est une source d'information protégée dans le temps par les caractéristiques de la dent. La dent pouvant résister au temps, on peut extraire de l'ADN sur des dents très anciennes. L'ADN nucléaire est parfois dégradé mais la sensibilité de la PCR permet souvent l'analyse grâce aux marqueurs génétiques STRs.

En cas de défaillance de l'ADN nucléaire pulpaire par une trop grande dégradation ou une trop faible quantité, les régions polymorphes de l'ADN mitochondrial seront exploitées. Elles n'apportent pas une empreinte génétique aussi discriminante qu'une empreinte obtenue avec de l'ADN mitochondrial mais donnent des informations importantes dans l'étude des lignées génétiques. ■

Bibliographie

1. Watson JD, Crick FH. **The structure of DNA.** Cold Spring Harb Symp Quant Biol 1953;18:123-31.
2. Harry M. **Génétique moléculaire et évolutive.** Paris : Éditions Maloine, 2008.
3. Hedman J, Dalin E, Rasmusson B, Ansell R.. **Evaluation of amylase testing as a tool for saliva screening of crime scene trace swabs.** Forensic Science International: Genetics 2010. In Press.
4. Willot GM. **An improved test for the detection of salivary amylase in stains.** J Forensic Sci Soc 1974;14:341-4.
5. Gaensslen RE. **Section 11: identification of saliva.** In: **US Printing Office, Superintendent of Documents, editor. Sourcebook in forensic serology, immunology, and biochemistry.** Washington, DC: National Institute of Justice, 1983;183-9.
6. Merritt AD, Rivas ML, Bixler D, Newell R. **Salivary and pancreatic amylase: electrophoretic characterizations and genetic studies.** Am J Hum Genet 1973;25:513-22.

7. Auvdel MJ.
Amylase levels in semen and saliva stains
J Forensic Sci
1986;31:426-31.
8. Myers R, Adkins K.
Comparison of modern techniques for saliva screening.
J Forensic Science
2008;53:862-7.
9. Gutowski SJ, Henthorn PL.
The preliminary evaluation of a commercial test kit in the identification of saliva.
J Forensic Sci Soc
1983;23:135-7.
10. Hedman J, Gustavsson K, Ansell R.
Using the new Phadebas¹ Forensic Press test to find crime scene saliva stains suitable for DNA analysis.
Forensic Sci Int : Genet Suppl Series
2008;1:430-2.
11. Old J, Schweers B, Boonlayangoor P, Reich K.
Developmental validation of RSID-Saliva: a lateral flow immunochromatographic strip test for the forensic detection of saliva.
J. Forensic Science
2009;54:866-73.
12. Casey DG, Price J.
The sensitivity and specificity of the RSIDTM-saliva kit for the detection of human salivary amylase in the Forensic Science Laboratory, Dublin, Ireland.
Forensic Sci Int
2010 ; 194 : 67-71
13. Whitehead PH, Kipps AE.
The significance of amylase in forensic investigations of body fluids.
Forensic Sci 1975;6:137-44.
14. Tsutsumi H, Higashide K, Mizuno Y, Tamaki K, Katsumata Y.
Identification of saliva stains by determination of specific activity of amylase.
Forensic Sci Int
1991;50:37-42.
15. Pang BCM, Cheung BKK.
Applicability of two commercially available kits for forensic identification of saliva stains.
J. Forensic Sci
2008;53:1117-22.
16. Oota H, Saitou N, Matsushita T, Ueda S.
A genetic study of 2000 year old human remains from Japan using mitochondrial DNA sequences.
Am J Phys Anthropol
1995;98:133-45.
17. Drancourt M, Aboudharam G, Signoli M, Dutour O, Raoult D.
Detection of 400-year-old Yersinia pestis DNA in human dental pulp: an approach to the diagnosis of ancient septicemia.
Proc Natl Acad Sci USA
1998; 95(21):12637-40.
18. Gilbert MTP, Hansen AJ, Willerslev E, Turner-Walker G, Collins M.
Insights into the processes behind the contamination of degraded human teeth and bone samples with exogenous sources of DNA.
Int J Osteoarchaeol
2006;16:156-64
19. Fukushima H, Oki T, Asamura H, Ota M, Nagasaki K, Fukuma Y, editors.
DNA extraction without powdering from bone and teeth.
Proceedings of 18th International Symposium on Human Identification. Hollywood, CA. Madison: Promega, 2007 Oct:1-4.
20. Kemp BM, Smith DG.
Use of bleach to eliminate contaminating DNA from the surface of bones and teeth.
Forensic Sci Int
2005;154:53-61.
21. Sweet DJ, Sweet CHW.
DNA analysis of dental pulp to link incinerated remains of homicide victim to crime scene.
J Forensic Sci
1995;40(2):310-4.
22. Sweet DJ, Hildebrand DP.
Recovery of DNA from human teeth by cryogenic grinding.
J Forensic Sci
1998;43(5):1199-202.

SUMMARY

The indices collection for the genetic prints in forensic odontology

Christophe BOU,
Larbi BÉNALI,
Johan SAMOT,
Nicolas GLOCK

Keywords

- forensic odontology
- DNA
- saliva
- pulp tissue
- identification

Forensic odontology is an essential partner of forensic medicine to identify an individual that is suspect in a legal affair or victim in the case of an aggression or of a disaster of mass.

The oral samples of biological origin (saliva, cells jugsals) and the samples of dental origin, bring new exploitable sources of DNA.

The collection of the indices for these genetic prints is essential because today many kits of samples and analyzes were marketed leading with an automation of the technique even if the protocol can vary according to methodology used.



Web of Conferences

Annoncez gratuitement vos prochaines manifestations sur www.webofconferences.org



AGENDA INTERNATIONAL DE CONFÉRENCES

- Recherchez une conférence ou un congrès
- Annoncez gratuitement une manifestation

PUBLICATION ET DIFFUSION D'ACTES DE CONFÉRENCE

<input type="radio"/> Publication en ligne sur un site web dédié	<input type="radio"/> Hébergement sans limite de temps
<input type="radio"/> Libre accès à tous les documents	<input type="radio"/> Creation de collections
<input type="radio"/> Articles identifiables et citables (DOI, Crossref)	<input type="radio"/> Impression de livres et/ou de CDs



Web of Conferences est un service EDP Sciences