

En quête du raisonnement bayésien

Dans le contexte judiciaire, le raisonnement bayésien offre une approche logique et rigoureuse pour évaluer la nature d'une trace, la source de cette trace et l'activité ayant mené au dépôt de cette trace, qu'il s'agisse de sperme, de sang, de morsures, de fibres textiles ou de résidus de tir, etc. À travers l'exposition de divers scénarios fictifs, cet article qui se veut pédagogique met en lumière les bases fondamentales de l'approche bayésienne permettant l'évaluation probabiliste des traces et indices.



Guillaume Boudarham
 Directeur du Laboratoire pluridisciplinaire de criminalistique
 Docteur en physique
 Professeur de physique en écoles d'ingénieurs
 Titulaire d'un diplôme universitaire en criminalistique
 Expert de justice près la cour d'appel de Versailles

INTRODUCTION

Considérons un exemple, sur lequel nous reviendrons ultérieurement pour une analyse plus détaillée du point de vue mathématique. Imaginons deux urnes distinctes : la première contenant 14 boules (dont 10 bleues et 4 rouges) et la seconde en possédant 12 (dont 4 bleues et 8 rouges). Un joueur qui a les yeux bandés effectue un tirage aléatoire d'une boule. Initialement, il y a 1 chance sur 2 que la boule provienne de la première urne et 1 chance sur 2 qu'elle provienne de la deuxième urne. Lorsque le bandeau est retiré, le joueur constate que la boule tirée est rouge. Cette observation représente une donnée nouvelle et cruciale ! En utilisant le théorème de Bayes, formulé par le mathématicien britannique Thomas Bayes (1702-1761) bien connu du joueur, une réévaluation est opérée : il y a maintenant environ 1 chance sur 3 que la boule provienne de la première urne. La probabilité que la boule tirée provienne de la première urne a été réévaluée à la baisse simplement en prenant en compte la couleur de la boule !

Dans le contexte judiciaire, la logique bayésienne revêt une importance capitale. Les découvertes de nouveaux éléments, comme des résidus de tir sur un suspect, peuvent considérablement influencer les convictions des enquêteurs et ainsi (re)-orienter le déroulement de leurs investigations. Le théorème de Bayes représente une méthode sophistiquée pour réviser la probabilité d'un événement en tenant compte de nouvelles informations ou données. Ce théorème, que nous avons utilisé au début de cette introduction pour résoudre le problème des urnes, s'applique également de manière essentielle à l'analyse rigoureuse et logique des éléments de preuve, qu'il s'agisse de sperme, de sang, de morsures, de fibres textiles ou de

résidus de tir [1-5]. Comme nous le verrons plus loin, cette approche méthodologique offre la possibilité d'évaluer de façon probabiliste la valeur d'un élément de preuve, en prenant en considération les propositions concurrentes présentées par l'accusation et la défense. En définissant clairement les responsabilités et compétences du juge et des experts, cette méthode réduit les risques d'erreurs tout en garantissant le respect du principe du contradictoire.

Supposons maintenant qu'une victime est décédée dans la nuit à son domicile à la suite d'un tir d'arme à feu. L'ex-conjoint de la victime connu pour être violent et détenteur d'un fusil de chasse est appréhendé par les enquêteurs cinq heures après cet événement. Des prélèvements sont réalisés par tamponnement sur ses mains et son tee-shirt. Les examens ont révélé la présence d'une seule particule caractéristique d'un tir



Thomas Bayes (mathématicien, pasteur, philosophe).

d'arme à feu sur le tamponnoir réalisé sur les mains de l'individu. En utilisant le théorème de Bayes pour évaluer de manière probabiliste les résidus de tir, l'expert pourrait déterminer la probabilité d'observer une seule particule caractéristique d'un tir d'arme à feu sur les mains de l'individu s'il n'a pas tiré avec une arme à feu, ainsi que la probabilité d'observer une telle particule s'il a tiré avec une arme à feu. Le rapport entre ces deux probabilités aiderait à évaluer dans quelle mesure cette observation soutient les propositions de l'accusation et de la défense.

La compréhension et l'application appropriée de cette approche sont cruciales pour prévenir des erreurs judiciaires, telles que celle qui s'est produite au Royaume-Uni. L'affaire Sally Clark est une affaire judiciaire emblématique qui s'est déroulée au Royaume-Uni et qui a mis en lumière l'utilisation incorrecte du raisonnement bayésien en médecine légale [6, 7]. Sally Clark, une avocate britannique, a été accusée à tort du meurtre de ses deux fils, Christopher et Harry, en 1996 et 1998. Elle a été condamnée en 1999 et a passé plus de trois ans en prison avant qu'un appel réussi n'annule sa condamnation en 2003. L'affaire s'appuie sur l'utilisation erronée des statistiques dans le témoignage d'experts lors du procès de Sally Clark. Deux experts médicaux ont témoigné que la probabilité d'avoir deux enfants morts du syndrome de mort subite du nourrisson (SMSN) au sein de la même famille était extrêmement faible, ce qui a conduit le jury à conclure à tort qu'il était hautement improbable que les décès des deux enfants de Sally Clark soient dus au hasard. Dans le cas de Sally Clark, les experts médicaux n'ont pas correctement appliqué le raisonnement bayésien pour évaluer la probabilité des décès de ses enfants. Ils ont omis de prendre en compte d'autres facteurs qui auraient dû être inclus dans le calcul, tels que la prévalence réelle du SMSN et la possibilité que d'autres causes médicales puissent expliquer les décès. Lors de l'appel, de nouveaux éléments de preuve, y compris des témoignages d'experts médicaux révisés, ont été présentés. Ces témoignages ont montré que les statistiques présentées lors du procès original étaient incorrectes, et que les décès des enfants de Sally Clark n'étaient pas aussi rares qu'on le prétendait. Les nouvelles preuves ont révélé qu'il y avait chez les enfants des problèmes médicaux sous-jacents qui expli-

quaient leur décès. Sally Clark a finalement été acquittée en janvier 2003 et sa condamnation a été annulée. L'affaire a mis en lumière les dangers de l'utilisation inappropriée des statistiques, en particulier dans le contexte médical. Elle a également conduit à un réexamen des enquêtes criminelles liées au SMSN et a sensibilisé le public aux erreurs possibles dans le raisonnement bayésien et à l'importance d'une utilisation précise des preuves statistiques dans les affaires criminelles.

1. NOTATIONS

Dans la suite, nous utiliserons les notations suivantes :

- $P(A)$: probabilité de l'événement A ;
- $P(A / B)$: probabilité de A sachant B ;
- $P(\sim A) = 1 - P(A)$;

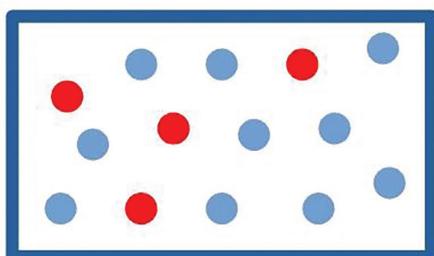
Remarque : $\sim A$ représente l'événement complémentaire de A . L'événement complémentaire est un événement qui représente toutes les issues possibles qui ne font pas partie de l'événement original. Par exemple, si nous considérons l'événement A comme « obtenir un chiffre pair en lançant un dé à six faces », son événement complémentaire serait « obtenir un chiffre impair en lançant un dé à six faces ».

2. PROBLÈME DES URNES

Dans un souci de pédagogie, avant de s'intéresser à des situations plus complexes rencontrées en sciences forensiques, nous allons illustrer l'application du théorème de Bayes à travers un exemple élémentaire que nous avons évoqué en introduction.

Une première urne contient 14 boules : 10 boules bleues et 4 boules rouges ; une deuxième urne contient 12 boules : 4 boules bleues et 8 boules rouges (voir figure 1). Une personne qui a les yeux bandés tire une boule au hasard. Il lui est ensuite demandé d'indiquer l'urne d'origine de la boule tirée. Il est clair qu'il y a 1 chance sur 2 que la boule tirée provienne de l'urne 1 et 1 chance sur 2 qu'elle provienne de l'urne 2, ce qui s'écrit formellement : $P(\text{boule vient de l'urne 1}) = 0.5$ (50 %) et $P(\text{boule vient de l'urne 2}) = 0.5$ (50 %). Ensuite, le bandeau est retiré, lui permettant ainsi de voir la couleur de la boule qu'elle a tirée, qui s'avère être rouge. Connaissant la composition des urnes, on lui demande de réévaluer la probabilité que la boule ait été tirée de l'urne 1. Ce problème est moins intuitif que le précédent mais il peut être résolu en appliquant

Urne 1



Urne 2

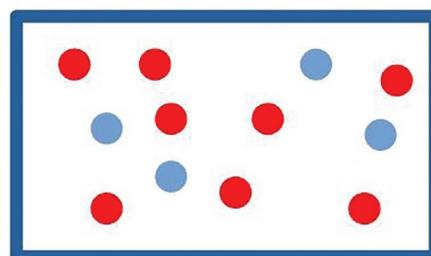


Figure 1 : Deux urnes de composition connue pour illustrer le théorème de Bayes.

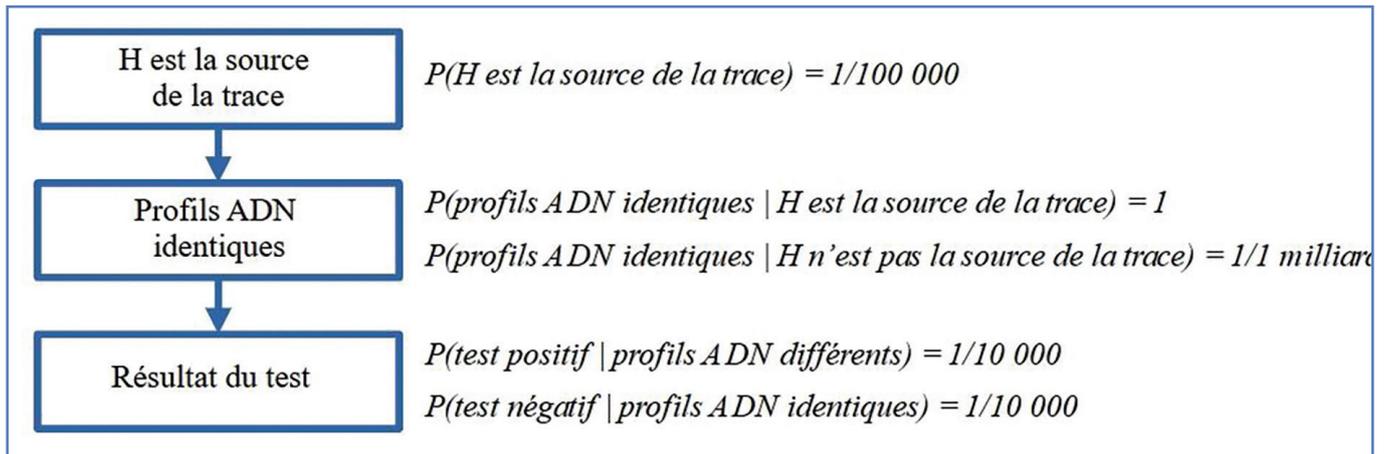


Figure 2 : Réseau bayésien du problème. Une flèche représente une dépendance.

le théorème de Bayes qui conduit à (voir partie 3) :

$$P(\text{boule vient de l'urne 1} | \text{boule rouge}) = \frac{P(\text{boule rouge} | \text{boule vient de l'urne 1}) \times P(\text{boule vient de l'urne 1})}{P(\text{boule rouge})}$$

Avec :

- $P(\text{boule vient de l'urne 1}) = 1/2 = 0.5$;
 - $P(\text{boule vient de l'urne 2}) = 1/2 = 0.5$;
 - $P(\text{boule rouge} | \text{boule vient de l'urne 1}) = 4/14 \approx 0.3$ (nombre de boules rouges de l'urne 1 divisé par le nombre de boules total de l'urne 1) ;
 - $P(\text{boule rouge} | \text{boule vient de l'urne 2}) = 8/12 \approx 0.7$ (nombre de boules rouges de l'urne 2 divisé par le nombre de boules total de l'urne 2)
- et $P(\text{boule rouge}) = P(\text{boule rouge} | \text{boule vient de l'urne 1}) \times P(\text{boule vient de l'urne 1}) + P(\text{boule rouge} | \text{boule vient de l'urne 2}) \times P(\text{boule vient de l'urne 2}) = 0.3 \times 0.5 + 0.7 \times 0.5 = 0.5$.

Enfinement :

$$P(\text{boule vient de l'urne 1} | \text{boule rouge}) = \frac{0.3 \times 0.5}{0.5} = 0.3 = 30 \%$$

La connaissance de la couleur de la boule tirée (rouge) lui a permis de réduire la probabilité qu'elle ait été tirée de l'urne 1 (50 % → 30 %).

3. THÉORÈME DE BAYES

Étant donnés deux événements *A* et *B*, le théorème de Bayes permet de déterminer la probabilité de « *A* sachant *B* », si on connaît les probabilités de *A*, *B* et de « *B* sachant *A* » :

$$P(A | B) = \frac{P(B | A) \times P(A)}{P(B)}$$

- $P(A)$ et $P(B)$ sont les probabilités *a priori* de *A* et *B* ;
 - $P(A | B)$ est la probabilité conditionnelle de *A* sachant *B* ou probabilité *a posteriori* ;
 - $P(B | A)$ est la probabilité conditionnelle de *B* sachant *A* ou probabilité *a posteriori*.
- $P(B)$ peut être obtenue à partir de la formule dite des « probabilités totales » : $P(B) = P(B | A) \times P(A) + P(B | \sim A) \times P(\sim A)$ où $P(\sim A) = 1 - P(A)$.

Exemples :

- A* : le suspect est la source de la trace ;
- $\sim A$: le suspect n'est pas la source de la trace ;
- B* : le profil ADN du suspect et celui de la trace de sang retrouvée sur la victime sont identiques ;
- $P(A | B)$: probabilité que le suspect soit la source de la trace sachant que son profil ADN et celui de la trace de sang retrouvée sur la victime sont identiques ;
- $P(B | A)$: probabilité que le profil ADN du suspect et celui de la trace de sang retrouvée sur la victime soient identiques sachant que le suspect est la source de la trace.

4. LA CONFUSION DES INVERSES

Un homicide a été commis à Poitiers et une trace de sang appartenant à l'agresseur a été retrouvée sur la victime. Selon les enquêteurs, l'agresseur est un habitant de Poitiers. Un suspect « *H* » est arrêté. Son profil génétique est identique à celui de la trace retrouvée sur la victime. Dans son rapport, l'expert en charge du dossier indique que : « la probabilité d'observer un tel profil si la trace a été laissée par un inconnu non apparenté au suspect est de 1/1 milliard (probabilité de coïncidence fortuite) ».

L'interprétation suivante de cette indication serait fallacieuse : « la probabilité que *H* ne soit pas la source de la trace est de 1/1 milliard et donc la probabilité que *H* soit la source de la trace est de $1 - 1/1 \text{ milliard} = 99.9999999 \%$ ». Formellement, cela reviendrait à écrire :

$$P(\text{profils ADN identiques} | H \text{ n'est pas la source de la trace}) = P(H \text{ n'est pas la source de la trace} | \text{profils ADN identiques}) = 1/1 \text{ milliard.}$$

et donc :

$$P(H \text{ est la source de la trace} | \text{profils ADN identiques}) = 1 - 1/1 \text{ milliard} = 99.9999999 \%$$

Cette erreur, connue sous le nom de « confusion des inverses » [6, 7], conduirait à une conclusion erronée selon laquelle le suspect est incontestablement la source de la trace, alors que ce n'est pas forcément le cas puisque l'égalité suivante est fautive : $P(\text{profils ADN identiques} | H$

n'est pas la source de la trace) = $P(H \text{ n'est pas la source de la trace} \mid \text{profils ADN identiques})$.

D'une manière générale, comme le montre le théorème de Bayes (voir partie 3), la probabilité de *A sachant B* n'est pas égale à la probabilité de *B sachant A* : $P(A \mid B) \neq P(B \mid A)$ (exemple : la probabilité que ma voiture ne démarre pas s'il n'y a plus d'essence est égale à 1 ou 100 % (certitude) mais la probabilité qu'il n'y ait plus d'essence si ma voiture ne démarre pas n'est pas égale à 1 puisqu'il y a d'autres causes possibles qui peuvent expliquer que ma voiture ne démarre pas).

Il est impératif d'intégrer des informations supplémentaires et d'appliquer proprement le théorème de Bayes. Les variables peuvent être représentées sous la forme d'un graphe intuitif appelé « réseau bayésien » (voir figure 2). Dans la suite, on tiendra compte des taux de faux positifs et négatifs des tests ADN pour plus de généralité. Un test positif (négatif) signifie que les profil ADN du suspect et de la trace retrouvée sur la victime ne sont pas différentiables (sont différentiables). On a :

- $P(H \text{ est la source de la trace}) = 1/100\ 000$ (population suspectable composée de 100 000 personnes) ;

- $P(\text{profils ADN identiques} \mid H \text{ est la source de la trace}) = 1$ (certitude) ;

- $P(\text{profils ADN identiques} \mid H \text{ n'est pas la source de la trace}) = 1/1$ milliard (probabilité de coïncidence fortuite) ;

- $P(\text{test positif} \mid \text{profils ADN différents}) = 1/10\ 000$ (taux de faux positifs) ;

- $P(\text{test négatif} \mid \text{profils ADN identiques}) = 1/10\ 000$ (taux de faux négatifs).

À partir du théorème de Bayes, on trouve (résolution à l'aide du logiciel *Elvira* spécialisé dans la construction de réseaux bayésiens) :

- $P(H \text{ n'est pas la source de la trace} \mid \text{test négatif}) = 99.9999999\ \%$

- $P(H \text{ est la source de la trace} \mid \text{test positif}) = 9.09\ \%$.

Cet exemple montre que si le résultat est positif (« match »), la probabilité que le suspect soit la source de la trace est trop basse (9,09 %) pour conclure de manière définitive qu'il est effectivement la source de la trace. Cependant, en cas de résultat négatif, la probabilité que le suspect ne soit pas la source de la trace est suffisamment élevée (> 99,99 %) pour permettre de conclure avec un degré de croyance élevé qu'il n'est pas la source de la trace. Le fait de savoir que le résultat du test ADN est positif a malgré tout permis de gagner 4 ordres de grandeur sur la probabilité que le suspect soit la source de la trace ($1/100\ 000 = 0.001\ \% \rightarrow 9.09\ \%$).

Remarque : la probabilité de coïncidence fortuite choisie ici permet d'illustrer notre propos. En pratique, cette valeur peut être de 1 sur plusieurs milliards. En outre, les taux de faux positifs et négatifs peuvent aussi être plus faibles. Pour une probabilité de coïncidence fortuite de 1/mille milliards et taux de faux po-

sitifs = taux de faux négatifs = 1/1million, on trouve : $P(H \text{ est la source de la trace} \mid \text{test positif}) = 90.91\ \%$ soit une probabilité environ 10 fois plus élevée.

5. LE RAPPORT DE VRAISEMBLANCE

Afin de quantifier le poids apporté par un indice au regard de deux propositions compétitives (accusation vs défense), l'expert doit comparer la probabilité d'observer les résultats sur la trace d'intérêt si la proposition (ou hypothèse) de l'accusation est vraie avec la probabilité d'observer ces résultats si la proposition de la défense est vraie. Ces propositions peuvent concerner la nature de la trace, la source de cette trace et l'activité ayant mené au dépôt de cette trace. L'expert détermine le rapport entre ces deux probabilités appelé « rapport de vraisemblance » noté *RV* [1-3] :

$$RV = \frac{P(\text{observations sur la trace} \mid \text{proposition de l'accusation})}{P(\text{observations sur la trace} \mid \text{proposition de la défense})}$$

Le théorème de Bayes conduit à :

$$\begin{aligned} & \frac{P(\text{proposition de l'accusation} \mid \text{observations sur la trace})}{P(\text{proposition de la défense} \mid \text{observations sur la trace})} \\ &= RV \times \frac{P(\text{proposition de l'accusation})}{P(\text{proposition de la défense})} \end{aligned}$$

Le premier terme traduit la croyance actualisée (*a posteriori*) dans la véracité de la proposition, c'est-à-dire après avoir pris connaissance des observations du laboratoire ; le deuxième terme (*RV*) est le rapport de vraisemblance défini précédemment (domaine de compétence de l'expert). Le troisième terme traduit la croyance *a priori* dans la véracité de la proposition (domaine de compétence des enquêteurs et des magistrats en fonction des éléments recueillis au cours de l'enquête).

6. APPLICATION

Lors d'une soirée étudiante qui rassemble 100 hommes et 50 femmes, une femme déclare avoir été violée. D'après les enquêteurs, l'agresseur est l'un des hommes présents à la soirée. Une trace de sperme appartenant à l'agresseur est retrouvée sur la victime. Un suspect « *H* » est arrêté. Son profil génétique est identique à celui de la trace retrouvée sur la victime.

Dans son rapport, l'expert en charge du dossier indique : « la probabilité d'observer un tel profil si la trace a été laissée par un inconnu non apparenté au suspect est de 1/1 milliard (probabilité de coïncidence fortuite) ».

Par souci pédagogique, nous ne tiendrons pas compte dans la suite des taux de faux positifs et négatifs que nous supposons nuls. Deux propositions alternatives sont mises en compétition :

- proposition de l'accusation : « *H est la source de la trace* » ;
- proposition de la défense : « *un inconnu non*

apparenté à H est la source de la trace » ou plus simplement « H n'est pas la source de la trace ».

La probabilité que le profil ADN du suspect et celui de la trace retrouvée sur la victime soient identiques si le suspect est la source de la trace est de 1 soit 100 % (certitude) d'où $P(\text{profils ADN identiques} \mid H \text{ est la source de la trace}) = 1$. La probabilité que le profil ADN du suspect et celui de la trace retrouvée sur la victime soient identiques si le suspect n'est pas la source de la trace est de 1/1 milliard = 1/1 000 000 000 (probabilité de coïncidence fortuite) d'où $P(\text{profils ADN identiques} \mid H \text{ n'est pas la source de la trace}) = 1/1 000 000 000$. On a donc :

$$RV = \frac{P(\text{profils ADN identiques} \mid H \text{ est la source de la trace})}{P(\text{profils ADN identiques} \mid H \text{ n'est pas la source de la trace})} = \frac{1}{1/1 000 000 000}$$

Soit $RV = 1 000 000 000$ (1 milliard).

Dans son rapport, l'expert pourrait indiquer selon une échelle verbale graduée qui traduit la valeur numérique de RV [1] : « *les résultats observés soutiennent très fortement la proposition de l'accusation par rapport à la proposition de la défense.* »

Ou aussi : $P(H \text{ est la source de la trace}) = 1/100$ (la source de la trace est *a priori* l'un des 100 hommes présents à la soirée) et $P(H \text{ n'est pas la source de la trace}) = 1 - 1/100 = 99/100$. Le rapport des probabilités *a priori* est donc :

$$\frac{P(H \text{ est la source de la trace})}{P(H \text{ n'est pas la source de la trace})} = \frac{1/100}{99/100} = 0.01$$

Le rapport des probabilités *a posteriori* est alors obtenu en multipliant le rapport des probabilités *a priori* avec le rapport de vraisemblance :

$$\frac{P(H \text{ est la source de la trace} \mid \text{profils ADN identiques})}{P(H \text{ n'est pas la source de la trace} \mid \text{profils ADN identiques})} = 1 000 000 000 \times 0.01 = 10 000 000 \text{ (10 millions)}$$

Finalement : « *puisque le profil ADN du suspect et celui de la trace de sperme retrouvée sur la victime sont identiques, il est 10 millions de fois plus probable que le suspect soit la source de la trace plutôt qu'un autre parmi les hommes présents à la soirée.* »

Le juge pourra alors conclure avec un degré de croyance élevé que le suspect est la source de la trace retrouvée sur la victime.

CONCLUSION

Dans le contexte des sciences forensiques, l'approche bayésienne offre une méthode permettant d'évaluer de manière probabiliste la valeur d'un élément de preuve en tenant compte de deux propositions en compétition avancées par l'accusation et la défense. Cette approche apporte une plus grande clarté quant aux rôles et compétences respectifs des magistrats et des experts scientifiques, tout en réduisant les risques d'erreur et en respectant le principe de la contradiction. Cependant, il est important de noter que cette approche repose sur des données qui ne sont pas toujours disponibles, telles que les probabilités *a priori*, le choix des variables à prendre en compte, et l'indépendance de ces variables ou des variables qui ne font pas consensus telles que la population de référence pour calculer les probabilités de coïncidence fortuite. Par ailleurs, cette méthode peut être source de confusion ou de méfiance chez les personnes qui ne possèdent pas une formation scientifique comme les juges, les avocats, les jurés, voire même certains praticiens. Les réseaux bayésiens se présentent comme une solution prometteuse pour modéliser et analyser des systèmes complexes, en simplifiant la manipulation d'équations mathématiques. L'utilisation de logiciels spécialisés facilite le calcul des probabilités *a posteriori*, en particulier dans les cas complexes où de nombreuses variables sont en jeu. Cette approche est déjà employée avec succès dans le domaine des expertises ADN, et elle pourrait être étendue à d'autres domaines tels que la morphoanalyse des traces de sang [8].

BIBLIOGRAPHIE

- 1. ENFSI guidelines for evaluative reporting in forensic science: Strengthening the Evaluation of Forensic Results across Europe, 2015.
- 2. Raphaël Coquoz, Jennifer Comte, Diana Hall, Tacha Hicks et Franco Taroni, *Preuve par l'ADN - La génétique au service de la justice*, EPFL Presses polytechniques et universitaires romandes, 2013.
- 3. Colin Aitken, Franco Taroni et Silvia Bozza, *Statistics and the evaluation of evidence for forensic scientists*, John Wiley & Sons, 2020.
- 4. Alain Gallusser, Damien Rhumorbarbe et Denis Werner, *Traces d'armes à feu - Expertise des armes et des éléments de munitions dans l'investigation criminelle*, EPFL Presses polytechniques et universitaires romandes, 2022.
- 5. Aimé Conigliaro, Charles Georget et Lise Malfroy Camine, *La morphoanalyse des traces de morsures*, *Revue Experts*, n° 167, 2023, pp. 24-28.
- 6. Leila Shneps, *Statistiques, probabilités et justice*, Cahiers philosophiques, vol. 155, n°4, 2018, pp. 21-36.
- 7. Leila Schneps et Coralie Colmez, *Math on Trial : How Numbers Get Used and Abused in the Courtroom*, Basic Books, 2013.
- 8. Daniel Attinger, Kris de Brabanter et Christophe Champod, *Using the likelihood ratio in bloodstain pattern analysis*, *Journal of Forensic Sciences*, 2021.