

La génétique au service de la généalogie

par Gilles Long

Chapitre 1: Histoire ancestrale récente

Les descendants et descendantes de PHILIP LONG devraient plutôt appeler la génétique «au secours» de notre généalogie, vous en conviendrez.

En effet, les recherches menées par plusieurs, depuis de nombreuses années, n'ont pas encore fourni de réponses certaines quant aux origines de notre ancêtre commun.

Même si Philip s'est défini lui-même, lors du recensement de 1831, comme étant un *American Loyalist*, nous sommes toujours confrontés aux mêmes questions: «Est-il né en Écosse ou aux États-Unis?» Ou vient-il d'ailleurs? Les documents en rapport avec sa naissance restent introuvables.

Depuis l'an 2000, plusieurs laboratoires, américains et anglais pour la plupart, offrent des services d'analyse d'ADN à des fins généalogiques.

Voilà comment j'ai été amené, en février 2006, à m'intéresser à la question, et à faire appel aux services de la firme *Family Tree DNA (FTDNA)*. Les résultats de mon 5^e et dernier test devraient me parvenir dans les prochaines semaines. Il ne changera en rien la présente partie de ce travail; ils visent le prochain chapitre.

Le texte qui suit ne se prétend pas un traité de biologie moléculaire, mais bien un outil de recherche généalogique. Nous donnerons, à l'occasion, des pistes de recherche aux férus de science, mais il n'est pas nécessaire d'être un scientifique de formation pour comprendre les concepts de base. Il ne faudrait donc pas se laisser embêter par le jargon scientifique, même s'il peut paraître rébarbatif au premier abord.

2

Le présent travail se propose d'aborder le sujet en deux étapes successives:

- 1 - Notre histoire patrilinéaire **récente**;
- 2 - Notre histoire patrilinéaire **lointaine**.

Nous nous intéresserons surtout à l'ADN du Chromosome Y (ADN-Y); à la fin du 2^e chapitre, nous parlerons également de l'ADN mitochondrial (ADNmt).

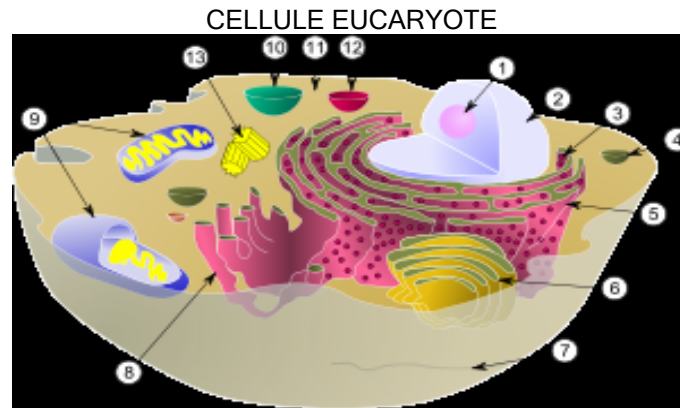
Aujourd'hui, nous ferons le Chapitre 1. Commençons d'abord par nous familiariser avec certains termes, essentiels à la compréhension du sujet.

A - Vocabulaire et notions de base (en abrégé)

CELLULE

La cellule est l'unité structurale, fonctionnelle et reproductrice constituant tout ou une partie d'un être vivant.

Toutes les cellules contiennent certains composants fondamentaux communs. L'ADN est l'un de ces composants; il transporte l'information génétique permettant de coder les autres composants.



1-Nucléole 2-Noyau 3-Ribosome 4-Vésicule 5-Réticulum granuleux 6-Appareil de Golgi
7-Microtubule 8-Réticulum lisse 9-Mitochondrie 10-Vacuole 11-Cytoplasme 12-Lysosome
13-Centriole .

3

GÈNE

Un gène désigne une unité d'information génétique transmise par un individu à sa descendance. Il est constitué d'une séquence de **nucléotides**, fragments unitaires de l'ADN.

On nomme **allèle** une variante donnée d'un gène au sein d'une espèce. Tous les allèles d'un même gène occupent le même locus (emplacement) sur un même chromosome.

Le bagage génétique nous provient, dans une proportion de 50% du

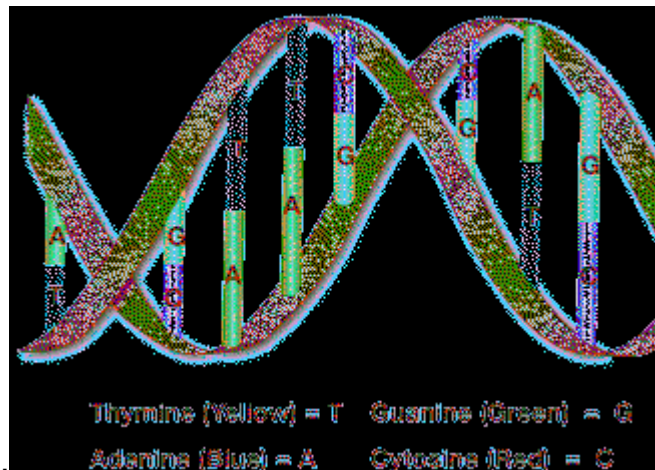
père; et de 50%, de la mère.

ADN

L'acide désoxyribonucléique (abrégé en ADN) est une molécule que l'on retrouve dans tous les organismes vivants. Il renferme les **gènes**, vecteurs de toutes les informations nécessaires pour créer un organisme.

L'ADN est présent dans le noyau des cellules humaines où il forme les **chromosomes**. Il possède une structure en double hélice composée de deux brins enroulés l'un sur l'autre et condensés dans des protéines appelées **histones**.

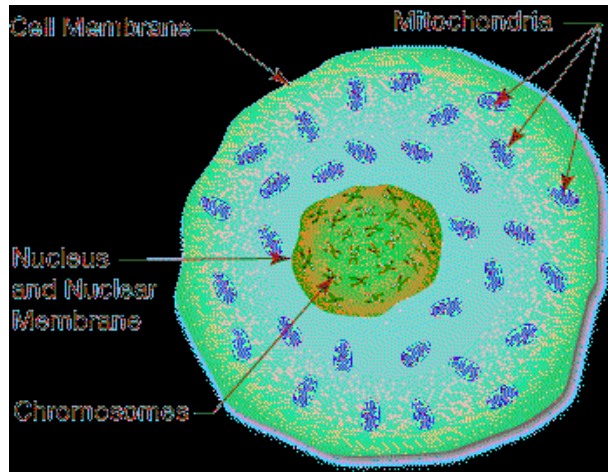
Ces brins sont constitués d'une suite de caractères dans un alphabet à quatre lettres chimiques: les **nucléotides** à adénine, thymine, cytosine et guanine (A, T, C, G). Cet enchaînement précis constitue le message génétique, l'ensemble des instructions permettant à la cellule de fonctionner.



L'ADN est le support de l'hérédité, car il constitue le génome des

êtres vivants; l'ADN se transmet lors des processus de reproduction.

CHROMOSOME

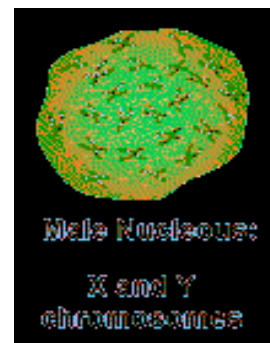
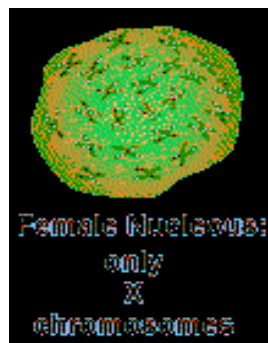


Le chromosome est un élément microscopique constitué d'une molécule d'ADN. Au figuré, le mot *chromosome* est utilisé pour décrire son contenu en terme d'information génétique.

Les chromosomes portent les gènes; ils sont en nombre variable suivant chaque espèce.

L'espèce humaine en compte 46; 23 paires, dont 22 sont des chromosomes homologues (**autosomes**), la dernière paire (23^e) correspondant aux deux chromosomes **sexuels**.

Les chromosomes autosomes sont numérotés de 1 à 22, du plus long au plus court; les deux chromosomes sexuels sont nommés X et Y.



SYSTÈME «XY» DE DÉTERMINATION SEXUELLE

Chez les humains, les femelles possèdent deux chromosomes semblables (XX), alors que les mâles en ont deux distincts (XY). C'est la

présence du gène SRY (*Sex Region of Y*) sur le chromosome Y qui détermine le sexe mâle, puis, en conséquence, le développement des caractères secondaires mâles (organes génitaux, internes et externes, mâles).

Le chromosome Y n'étant transmis que du père à son fils, son étude permet de suivre la lignée mâle (directe, patrilinéaire) d'une famille, d'une ethnie ou d'une espèce.

TYPES D'ADN

1 - ADNat (atDNA en anglais)

L'ADN autosome détermine l'identité unique de chaque individu, i.e. l'apparence physique (taille, couleur des yeux, etc).

Pour les besoins de l'étude de l'histoire ancestrale, il sert moins; nous n'en parlerons pas plus longtemps ici.

2 - ADN-Y (Y-DNA)

En génétique généalogique, l'analyse du chromosome Y est de toute première importance, étant donné qu'il est transmis *de père en fils uniquement*, fournissant ainsi la lignée patrilinéaire.

Sur les 5 tests auxquels j'ai été soumis, 4 concernent l'ADN-Y.

3 - ADNmt (mtDNA)

Les deux types d'ADN précédents proviennent du noyau de la cellule; par contre l'ADNmt est contenu non pas dans le noyau, mais dans les organelles (hors noyau) mitochondriales (mt) situées dans l'apport génétique transmis par *la mère à chaque enfant, tant mâle que femelle*.

L'étude de l'ADNmt sert lorsque vient le temps de retracer sa ligne maternelle directe (mère, grand-mère maternelle, arrière-grand-mère maternelle, etc).

MUTATION

Modification héréditaire de l'information contenue dans l'ADN. Une mutation se produit lorsque la séquence des nucléotides est modifiée d'une

manière naturelle et aléatoire. Ce changement se produit par la disparition (délétion) ou par l'ajout (insertion) de marqueurs génétiques.

Les mutations mesurées par le test Y-DNA (STR), lequel identifie le profil (haplotype) de chaque individu, se produisent, selon le locus visé (ex. DYS390), à tous les 200 à 800 ans.

Les mutations mesurées par le test Y-DNA (SNP), lequel identifie l'haplogroupe de chaque individu, se produisent à un rythme beaucoup moins rapide, soit à tous les 7 000 ans environ.

HAPLOTYPE

Les résultats obtenus par un individu qui passe un test d'ADN-Y (Y-DNA (STR) constituent son HAPLOTYPE (i.e. son profil, son portrait, sa photographie génétique).

HAPLOGROUPE

Un haplogroupe signifie un groupe d'individus (haplotypes) descendant directement d'une unique personne (homme ou femme). Exemple: mon Haplogroupe I (se prononce *eye*) signifie que je descends du premier homme porteur de la mutation nommée M170, il y a de cela environ 22 000 ans passés. Nous y reviendrons au Chapitre 2, lorsque nous ferons notre histoire ancestrale lointaine.

B - Les tests ADN-Y et ADNmt

Ce sont les deux plus populaires, en raison de leur utilité. Pour l'instant, nous allons nous concentrer sur celui de l'ADN-Y (Y-DNA).

La procédure de cueillette est très simple: un échantillon de salive provenant de l'intérieur de la joue suffit. Ce n'est pas très malin.

ADN-Y

Le chromosome Y contient 59 millions fragments (bits) d'information génétique. L'analyse du laboratoire (FTDNA) ne va pas s'attarder aux 59 millions, bien évidemment; elle se limitera à l'examen du nombre de répétitions (repeats) issues d'un nombre restreint de marqueurs (STR markers). Chaque marqueur est baptisé en tenant compte de l'emplacement (locus) où il se trouve sur le chromosome Y.

Exemple: «DYS391 = 10» signifie qu'à cet endroit précis du chromosome Y, la valeur (ou répétition en tandem) se produit à 10 reprises, comme suit: 10 répétitions du segment TCTA (Thymine-Cytosine-Thymine-Adénine).

Il en va de même pour chacun des marqueurs mesurés. Plus le nombre de marqueurs mesurés est élevé, plus le test est précis.

Chez FTDNA, il existe 3 tests de l'ADN-Y:

- Y-DNA STR 12-marker (que nous appellerons ici: Test 12)
- Y-DNA STR 37-marker (Test 37)

- Y-DNA STR 67-marker (Test 67)

J'ai d'abord passé le Test 12 avant de me rendre au Test 67.

Selon les généticiens, le 37 est suffisant pour établir des comparaisons valables entre deux personnes (haplotypes). Le 67 est récent et n'est offert que par FTDNA. Mais il servira de plus en plus au rythme de l'accroissement du nombre d'haplotypes soumis.

En somme, l'ensemble des marqueurs mesurés constitue la **photographie, le portrait génétique** de la personne en cause.

À titre d'exemple, voici les résultats de mon Test 12 marqueurs:

DYS393 = 14 ; DYS390 = 22 ; DYS19(ou 394) = 15 ; DYS391 = 10;

DYS385a =16; DYS385b =16; DYS426 = 11; DYS388 = 13;

DYS439 = 11; DYS389-1 =12; DYS392 = 12; DYS389-2 = 28.

8

Cette *photographie génétique* porte le nom de **HAPLOTYPE**. L'ensemble de plusieurs haplotypes donnent un **HAPLOGROUPE**, comme nous le savons déjà.

Pour revenir à notre propos, si j'ai été soumis au Test 12, cela signifie que ma photo génétique comporte 12 éléments de comparaison; et ainsi de suite pour le Test 37 et le Test 67. Plus il y a d'éléments de comparaison, plus la photo sera précise.

Les résultats analysés en laboratoire (Family Tree) sont automatiquement transmis à une banque de données (Y-Search) pour fins de comparaison avec tous les profils (haplotypes) en banque. Il existe différentes banques de données, comptant des milliers d'haplotypes. Le rapport de Y-Search vous indique sur le champ s'il y a des *matches*.

Dans mon cas, j'ai été informé que deux Américains avaient des profils (haplotypes) très proches du mien (11/12):

1 - un dénommé *J. WAITE (Weight)* qui se dit de descendance allemande, et qui demeure en Pennsylvanie, à Philadelphie; le premier de sa lignée à s'établir aux États-Unis aurait porté le nom *Wecht*.

2 - un dénommé *D. LONG* qui vit en Californie, mais dont le plus

vieil ancêtre connu (1875) provient du Michigan. Une famille dysfonctionnelle, selon lui, qui ne connaît pas son histoire familiale.

À noter que J. Waite et D. Long obtiennent, entre eux, un *match* parfait de 12/12. Mon profil (haplotype) obtient un *match* de 11/12, avec Waite et D. Long. Le seul marqueur qui nous sépare est le DYS389-1.

Waite a passé le Test 37; l'autre doit le faire incessamment. Il ne serait pas surprenant s'ils obtenaient un *match* de 37/37. Ce qui me fait

9

dire cela, c'est que mon profil et celui de Waite obtiennent un *match* de 35/37.

J'ai tout de suite communiqué avec ces deux cousins. Nos échanges permettront possiblement la découverte de pistes pouvant mener à notre MRCA (ancêtre commun récent). Malheureusement, ces deux individus ne peuvent pas remonter très loin dans leur arbre généalogique respectif; Waite peut aller jusqu'à 1799; l'autre, à 1875 seulement. Cela ne facilite pas la tâche. Ils sont tous les deux motivés cependant; il y a donc lieu d'espérer des résultats.

3 - Signification des résultats obtenus.

Premièrement, il faut retenir que, lorsque nous parlons ici d'**ancêtres récents**, cela peut remonter jusqu'à l'époque «*de l'apparition des noms de familles*». En Europe, cela signifie depuis environ l'an 1100. Ce n'est pas d'hier, comme vous voyez. En génétique, c'est récent!!!

Afin de simplifier les choses, nous emploierons dorénavant les acronymes suivants pour désigner les trois profils (haplotypes) en cause:

- DL = D. Long
- GL = Gilles Long
- JW = J. Waite.

Comparons les haplotypes de GL et JW.
Comme mentionné ci-dessus, le *match* est de 35/37. On est proche parents, oui ou non?

Voici l'interprétation qu'en donne FTDNA...

(35/37 match): GL & JW HAPLOTYPES ARE RELATED:

«You share the same surname (or a variant) with another male and you mismatch by only two points (a 35/37 match). Your mismatch is likely within the range of most well established surname lineages in Western

10

Europe.»

Je ne crois qu'il faille accorder trop d'importance à la différence de noms ici. Nous parlons en terme de plusieurs générations. Les noms, ça se change, contrairement à l'hérédité.

La distance qui me sépare de DL est la même que celle qui me sépare de JW; et pourtant ces deux personnes portent des noms différents.

Qui nous dit qu'il n'y a pas eu changement de nom à un moment donné? Ou encore une adoption quelque part? D'un côté ou de l'autre?

Il semble de plus en plus y avoir une filiation germanique (allemande), possiblement récente, dans notre histoire ancestrale.

Selon les probabilités établies par Family Tree (FTDNA), un résultat de 35/37 signifie que l'ancêtre commun de JW et GL a vécu il n'y a pas si longtemps:

- 50% des chances: pas plus de 6 générations (6 X 27.5 = 165 ans);
- 90% : pas plus de 12 générations (12 X 27.5 = 330 ans);
- 95% : pas plus de 14 générations(14 X 27.5 = 385 ans).

Lorsque JW et DL auront passé le Test 67 eux aussi, les comparaisons seront encore plus raffinées.

Pour l'instant, il faut continuer à fouiller les banques de données... De mon côté, je continue la recherche avec nos deux cousins américains.

Et surtout ne pas exclure du revers de la main la possibilité que Philip Long ait pu être aussi bien un LANG (ou LAING) qu'un LONG. Des LANG qui ont changé leur nom en LONG en arrivant aux États-Unis, il y en a des tonnes. Une question de phonétique. En allemand, Lang se prononce plus comme *Lung (Long)* que *Laing*.

Je ne suis pas en train de dire que la tradition familiale voulant que Philip Long (ou ses ancêtres immédiats) venait d'Écosse est fautive, il

faut bien se comprendre.

Mais rien n'empêcherait que ses ancêtres aient passé par le territoire germanique avant d'aboutir dans les Îles britanniques. Nous parlons en terme de centaines et de milliers d'années en généalogie génétique. L'avenir le dira... peut-être.

Le prochain chapitre sera donc consacré à notre histoire ancestrale **lointaine**, i.e. depuis la sortie d'Afrique de l'homme moderne (Homo Sapiens), il y a de cela + ou - 60 000 ans.

EN SAVOIR PLUS?

Les Internautes pourront consulter...

www.isogg.com

Le site de l'*International Society of Genetic Genealogy* est certainement l'une des références de base.

www.familytreedna.com

Il existe un *tutorial* bien fait ici.

Aussi le LONG SURNAME PROJECT de W. O. Long.

www.hominidés.com et surtout www.genographicproject.com

Pour l'histoire lointaine de l'homme moderne.

Enfin... Google ou Yahoo vous fournira de multiples sites, plus intéressants les uns que les autres.

Bonne lecture et à la prochaine,

GL

29-03-2007

