

LA GÉNÉALOGIE GÉNÉTIQUE

Sur le chemin de mes ancêtres lointains...

Charles-Eugène Lessard

Aujourd'hui, en cherchant sur Internet, tout profane de la généalogie a accès aux informations pour bâtir son arbre généalogique. On peut même retrouver dans les sites spécialisés en archives les plus diverses des contrats de baptêmes et de ventes de terrains, par exemple. Ces documents originaux peuvent remonter loin dans le passé, mais exigent un travail de traduction de moine, comme on peut le constater en suivant le travail d'Isabelle Bazin et de Jacques Lessard de Montréal (lire « Isabelle Bazin dans la lignée de François de Lessard », p. 16).

Ces archives leur permettent quand même de remonter jusqu'en 1630, date qui se rapproche de 1539, année de la promulgation de l'ordonnance de Villers-Cotterêts, qui avait imposé les registres des baptêmes et des mariages, lesquels seront alors confiés au clergé ; cette ordonnance aura aussi l'effet de fixer l'orthographe des noms, facilitant ainsi la recherche. Qu'advient-il de la recherche traditionnelle avant cette date ?

Au-delà donc de l'intérêt à mon patronyme, ma curiosité me pousse à remonter plus loin dans l'histoire. À des millions d'années. Et les « documents » qui peuvent nous éclairer sur ce lien direct sont contenus dans le chromosome Y.

Dans la revue *L'ESSART* d'octobre 2016, j'annonçais mon intention de passer un test d'ADN. Le sujet avait cours déjà en 2015 dans les *Nouvelles de CHEZ NOUS* de la Fédération québécoise des familles d'alors, sous la plume de M. Michel Bérubé et était l'objet de discussions au C.A. de l'AFL.

J'ai reçu effectivement mon résultat du test FTDNA-37¹ le 12 décembre 2016. Depuis, silence radio de ma part. Sur le coup, tout me paraissait tellement technique que mon intérêt a disparu comme neige au soleil. J'avais besoin de m'informer davantage sur la généalogie génétique pour interpréter les données. Parallèlement, je continuais à lire sur l'histoire du monde. En décembre dernier, le lien s'est fait entre mes lectures et la généalogie génétique, que j'ai perçue autrement.

On sait que l'ancien empire romain s'étendait sur l'ensemble de l'Europe. Depuis, il a subi de nombreux mouvements migratoires : celui de peuples germaniques venant du Nord de l'Europe, en quête de terres fertiles et de richesses (les Alamans en 213, les Goths au V^e siècle, les Francs en 260, les Lombards en 568, etc.), celui de peuples asiatiques (les Caucasiens et les Huns

d'origine mongole en 375) et de peuples slaves originaires d'Eurasie en 577. Et avant l'empire romain ? Les Celtes vivaient en Gaule entre 450 av. J.-C. et 25 av. J.-C. et, avant eux, on trouve des tribus autochtones, appelées « peuples mégalithes ». Et les Basques ? Ils viendraient du Moyen-Orient et auraient « pour originalité en Europe d'avoir échappé à la dernière vague migratoire en provenance de la steppe ukrainienne »². Ils auraient des origines communes avec les Irlandais et les Gallois que semblerait confirmer l'étude de leur ADN.

Tout cela pour mieux me représenter la France d'Étienne de Lessard; Étienne n'est Français que par la langue et les valeurs partagées par la France de cette époque; ses gènes proviennent de métissage de différentes ethnies à des pourcentages divers, un petit peu de l'une, un petit peu de l'autre. Théoriquement, le chromosome Y permet de remonter jusqu'à « Adam », il y a 3 millions d'années, si on part de l'homo habilis ou 5 millions d'années si on considère son cousin australopitèque.

La grande question, à partir de quels critères l'hominidé est-il considéré comme espèce humaine ?

Là n'est pas l'objet de cet article, je m'en tiendrai à l'homo sapiens dont les premiers vivaient il y a 300 000 ans en Afrique de l'Ouest; il émigra au Proche-Orient vers -120 000 ans, en Inde vers -80 000/-60 000 ans, en Australie vers -60 000 ans, en Sibérie vers -50 000/-40 000 ans, en Europe vers -40 000 et en Amérique vers -15 000 ans⁴.

C'est le travail des historiens, aidés des archéologues, des paléon-

2019-12-17 : Charles-Eugène Lessard

À : Pierre Gendreau-Héту

Mon haplogroupe est le R1b-M269 ; deux de ses sous-groupes sont les R1b-U106 et R1b-P312³.

J'aimerais savoir lequel de ces deux groupes j'appartiens. Quel test d'ADN me permettrait de le déterminer ? J'ai déjà passé le YD-

tologues, des anthropologues et des généticiens, de suivre le déplacement des différents groupes qui vont se former, se diversifier en sous-groupes, lesquels, avec le temps, vont s'éloigner les uns des autres au point de ne plus avoir de contacts et se trouver dans des environnements (sources de nourriture, climats, etc.) différents, qui pourront possiblement entraîner après des milliers d'années des mutations génétiques. Mais celles-ci peuvent se produire aussi sans cause apparente d'une génération à l'autre. Considérons l'exemple de la couleur de la peau, lorsque les premiers hominidés ont perdu leur poil, ils ont dû se protéger contre les rayons UVB du soleil. On sait que la couleur de la peau dépend de ce qu'on appelle les mélanocytes, des cellules qui fabriquent la mélanine. Ce pigment permet d'absorber les rayons du soleil et d'éviter les brûlures cau-

sées par les rayons ultraviolets. La nature s'en est chargée et les mélanocytes se sont mis à fabriquer la mélanine à un taux élevé, pour mieux absorber les UVB du soleil, ce qui donne la teinte noire de la peau; avec le temps, cette information a été inscrite dans les gènes. Mais les groupes qui se sont installés dans les régions moins ensoleillées et qui avaient moins besoin de se protéger, au contraire, le corps humain était plutôt en manque de rayons UVB, la fabrication de mélanine a diminué pour faire entrer plus

2019-12-18 Pierre Gendreau-Héту
À : Charles-Eugène Lessard

L'haplogroupe R1b-M269 est le plus important d'Europe et a donc été largement étudié. Il présente par conséquent des développements très intéressants, au point de pouvoir identifier le SNP terminal de familles particulières. Si votre objectif est connaître quel SNP caractérise la souche LESSARD, seul le test Big Y vous y amènera. Je recommande chaleureusement ce test pour faire avancer la science et la généalogie de votre famille.

(...) C'est là où j'en suis avec mon étude sur les MIVILLE et leur souche suisse.

(...) Enfin, je suis tout à fait disposé à vous guider. Il vous faudrait toutefois m'accorder le statut ADVANCED à vos résultats. Pour ce faire vous devez fixer le paramètre pertinent dans votre page personnelle FTDNA.

de soleil, ce qui a amené la couleur plus pâle de la peau et, avec le temps, c'est-à-dire de dizaines, sinon de centaines de milliers d'années, l'information s'est inscrite dans les gènes.

La recherche en génétique, en dehors des cercles universitaires, est encore jeune. Il y a à peine 20 ans, la société Family Tree DNA, par exemple, fit les premières propositions commerciales de tests génétiques pour la généalogie. Les généalogistes sont donc en droit d'accueillir les résultats avec un esprit critique. Les pourcentages d'ethnies fluctuent en fonction du nombre de personnes qui passent des tests. On comprend maintenant la grande généralité quand Wikipédia décrit ainsi le groupe R1b-M269 : « Il se retrouve, le plus, le long du littoral atlantique de l'Europe, et par les émigrations européennes, en Amérique du Nord, en Amérique du Sud et en Australie. En Angleterre, la fréquence du R1b-M269 est d'environ 70 %, et dans certaines parties du Nord et de l'Ouest de l'Angleterre, de l'Espagne, du Portugal, de la France, de la Bretagne, du Pays de Galles, de l'Écosse et de l'Irlande, la fréquence de R1b est plus élevée que 90 %. On le trouve aussi chez les Italiens, particulièrement dans le Nord de l'Italie. R1b-M269 est aussi pré-

2019-12-18 Pierre Gendreau-Héту
À : Charles-Eugène Lessard

Aucun LESSARD n'a encore été testé avec ce test optimal. Vous seriez donc le premier à établir le SNP terminal de votre souche. Comme expliqué précédemment, l'analyse de plusieurs descendants d'une même souche ancienne procure aux généticiens de FTDNA la chance d'identifier de nouveaux SNP encore plus profonds.

Si vous décidiez de vous lancer, je vous invite à contacter vos concordances LESSARD et les aviser de votre initiative. D'autres pourraient suivre.

Je vous accompagnerai évidemment jusqu'aux résultats si vous

sent à des fréquences moindres à travers l'Europe de l'Est, bien que la diversité y soit plus forte qu'en Europe de l'Ouest. On suggère une ancienne migration de R1b venant de l'Est. »

La précision des résultats dépend grandement du nombre d'individus qui acceptent de passer des tests.

Références

1. Family Tree DNA, une entreprise américaine, basée au Texas, fondé en 2000. « Certaines entreprises comme Family Tree DNA (FTDNA) offrent des analyses plus complètes qui se concentrent sur le chromosome Y et le génome mitochondrial, ce qui permet l'étude poussée de la généalogie des populations. » <https://ici.radio-canada.ca/nouvelles/special/2016/9/adn/adn-tests-genetiques-origines-ancestrales.html>
2. <https://www.gasconha.com/spip.php?article2958>
3. Le groupe P312 se trouve ultra-majoritaire autour de l'Atlantique, avec des taux dépassant les 80 % en Bretagne et dans le Pays basque. Le groupe U106 a donné lieu à la branche germanique R1b-U106 (S21), apparue il y a environ 3 000 ans en Europe centrale ou en Frise, se trouve principalement autour de la Mer du Nord.
4. Bon, François. *Sapiens à l'œil nu*. CNRS Éditions, 2019 p. 20-21.

RETOUR