

LA GÉNÉALOGIE GÉNÉTIQUE

Les résultats du Big Y-DNA

Charles-Eugène Lessard

Les résultats du Big Y-DNA

Un an après, je reviens sur le sujet de mes ancêtres lointains. Un livre est venu raviver mon intérêt pour la généalogie génétique, *L'odyssée des gènes* d'Evelyne Heyer, biologiste française, professeure en génétique des populations, elle a répondu à l'une de mes grandes questions: peut-on se fier aux tests de DNA¹? Pourtant, elle semble renforcer mes inquiétudes: « Si vous recevez l'un de ces tests en cadeau, rappelez-vous qu'ils sont seulement récréatifs ! Ils ne sont nullement à prendre au pied de la lettre et peuvent délivrer peu d'informations. »² Je ne souhaiterais pas que mes investissements dans deux tests DNA ne servent qu'à m'amuser.

Sur quoi donc repose la fiabilité des résultats ? La réponse vient de Brad Argent, un porte-parole d'Ancestrys. « Plus il y aura de gens qui vont se faire tester, mieux on va comprendre d'où ils (les individus) viennent ».³

Les compagnies comparent notre ADN à celui des populations de référence qu'elle a pu se constituer. C'est sur l'ampleur de leur banque que les compagnies fondent leur publicité. « Nous avons envoyé des kits ADN à des utilisateurs de MyHeritage dans le monde entier, de l'Ouzbékistan aux Fidji et du Groenland à l'Afrique du Sud, qui ont été sé-

lectionnés sur la base de leurs origines comme étant génétiquement représentatifs de leur région géographique⁴.

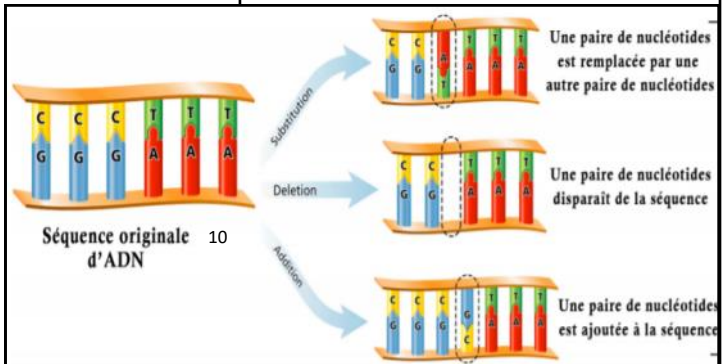
Ancestry fait ainsi sa publicité: « Plus de 10 millions de personnes ont découvert quelque chose de nouveau sur elles-mêmes. De vos origines dans plus de 1000 régions. »⁵

Enfin, nous retrouvons sur le site de Family Tree DNA : « Plus de 2 millions de personnes ont testé avec Family Tree DNA, ce qui a donné lieu à la base de données de correspondance ADN la plus complète du secteur. »⁶

Il me reste une deuxième question plus sérieuse: comment bien comprendre les résultats de ces tests et leurs limites ? Il y a, d'une part, la connaissance que nous avons de l'histoire des grands mouvements migratoires qui entraînent un mélange génétique et du temps qu'une ethnie demeure dans un lieu donné qui vont être à l'origine de mutations génétiques dues à l'environnement. « Sans stabilité géographique, dit Evelyne Heyer, il serait impossible de trouver des adaptations génétiques locales à un environnement donné. »⁷

C'est l'apport important du livre de la professeure Heyer.

D'autre part, il y a la partie technique. « Grâce à la génétique, précise Evelyne Heyer, j'explore la mémoire de notre passé, là où aucune archive n'est disponible. »⁸ Elle ajoute que « toutes les formes de vie sur Terre sont des descendants d'une molécule



apparue il y a environ 3,5 milliards d'années. »⁹

Le champ ici est large. Pour mes besoins, il suffit de bien comprendre le mécanisme de la mutation, modification du matériel génétique.

Et j'ai pris un malin plaisir intellectuel à essayer, tout au long de mes lectures, de visualiser mon parcours, non pas de la première molécule, mais du premier cousin du Babouin à l'homme moderne¹¹ d'abord.

Je dois reconnaître que Wikipédia m'a facilité grandement la tâche. Plusieurs autres sources ont permis de valider certaines données.

L'étude des fossiles, confirmée par la génétique, montre que l'Homme appartient à l'ordre des primates, du plus lointain, le babouin, au plus rapproché, le chimpanzé. La différence génétique entre l'espèce humaine et le chimpanzé d'une part et l'orang-outan d'autre part est de 1,2 % avec l'un et de 3 % avec le second.¹²

nétiq « A (M91) » jusqu'à aujourdhui.

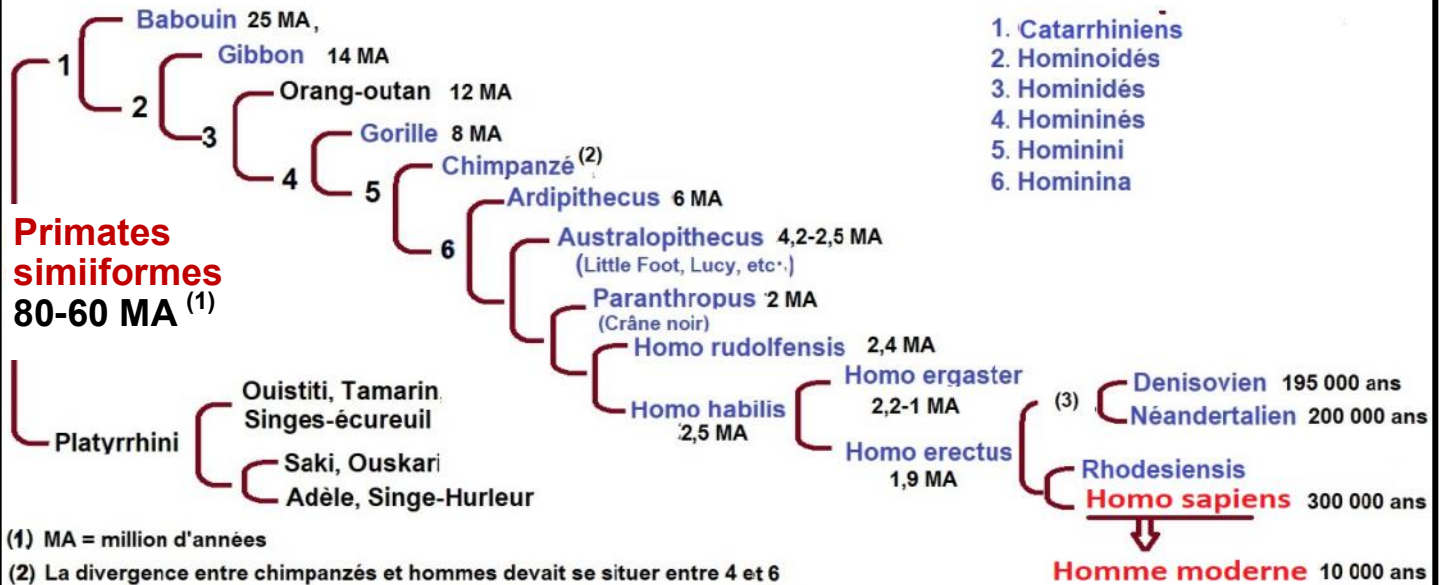
Pour bien comprendre, je dois ici rappeler un courriel de Greg Hockings en date du 11 mars 2020 à David Lasser après mon deuxième test, **Big Y-DNA**:

« Oui, j'ai vu ces résultats. **FGC48803** est un niveau en dessous de **Z2186** et réunit deux

mis d'identifier une branche inférieure à FGC48803, la branche **R-FT236025** à laquelle appartient la lignée **LESSARD**. Le décodage du test Big Y-DNA est loin d'être terminé et nous réserve sûrement des surprises.

Sur Internet, nous trouvons une masse d'information sur des arbres ancestraux phylogénétiques sur le

Les grandes familles de la lignée humaine



(1) MA = million d'années

(2) La divergence entre chimpanzés et hommes devait se situer entre 4 et 6 millions d'années; l'ancêtre commun devait avoir eu des dents similaires à celles du chimpanzé et se déplacer comme un knuckle-walker (quelqu'un qui marche sur les phalanges). (Wrangham et Pilbeam, 2001). <https://journals.openedition.org/primatologie/2787#tocto2n5>

(3) Homo heidelbergensis serait l'ancêtre des Denisoviens et des Néandertaliens Voir: ROBERTS, John M.; WESTAD, Odd Arne. Histoire du monde, tome 1. Édition du Kindle. (p. 25).

Par point de comparaison, même si l'espèce humaine est répandue sur toute la planète, chacun est identique à l'autre à 99,9%¹³.

* * * *

Grâce à la génétique, il est possible de faire remonter tous les chromosomes Y des hommes de la Terre au plus récent ancêtre masculin commun, un homme qui vivait en Afrique il y a environ 140 000 ans.

Alors à quoi mes deux tests ont-ils bien pu servir ? Je vous invite donc à me suivre sur la route des grandes mutations dans l'histoire de l'humanité, d'Adam chromosomique appelé dans le langage gé-

branches auparavant considérées comme distinctes - **BY2744**, qui comprend les Duncans d'Écosse, et **BY24637**, qui comprend deux Thornsberrys et un de Gray d'Angleterre. Charles-Eugène a environ 40 SNP privés, donc les Lessard appartiennent probablement à une troisième branche de **FGC48803**. Fait intéressant, deux autres branches de **Z2186**, à savoir FGC36344 (jusqu'à présent limité à deux noms de famille des îles Shetland) et **FT148222** (comprend Le Guyader de France et Tissot de Suisse) sont négatives pour FGC48803. »

Depuis mars, l'étude du test a per-

chromosome Y.

Ils servent dans la mesure où l'on connaît les haplogroupes auxquels on appartient. De là, il est facile de bâtir l'arbre généalogique.

Notre premier test nous permettait de nous situer par rapport à l'haplogroupe R-M269, le deuxième test nous conduit à l'étape R-FT236025, il faut attendre patiemment d'autres décodages du Big Y-DNA pour nous rapprocher de notre siècle.

L'arbre généalogique de la lignée des Lessard

1. hg38:21292569-T-G **Homo Erectus** => L'homme et le Denisovan1 divergent de l'allèle ancestral T trouvé chez les chimpanzés à cette position. Hg38.
2. A8835 => **Heidelbergensis** Ancêtre Y présumé des humains et des néandertaliens. ISOGG¹ appelle cet haplogroupe A000-T. « C'est en quittant l'Afrique que sapiens a rencontré Néandertal. »
3. **A (M91)** => Date d'origine: 140 000 avant présent / 270,000 avant présent / ou 275,000 avant présent: Afrique centrale - Adam-Y chromosomique
4. A1b => 100 - 50 000 ans: en Afrique de l'Ouest, du Nord-Ouest et centrale
5. B => En Afrique est également le plus ancien des haplogroupes.
6. BT =>
7. C => 66,000 AD²(en Afrique de l'Est)
8. E => 62,500 AD (en Afrique de l'Est)
9. F => ??
10. G => 48,000 AD (en Afrique de l'Est)
11. K => 46,000 AD (entre le Caucase et l'Inde)

12. P => ??
13. R => 32,000 AD (en Asie centrale ou en Sibérie)
14. R-M343/(R1b1a1a2a => 23,000 AD (Autour de la mer Caspienne ou en Russia)
15. R-L278 => Le « chasseur-cueilleur de Samara », qui vivait environ 7 500 ans dans la région de la Volga, a été classé R1b-L278
16. R-L754/ => Le plus ancien vestige connu est âgé d'environ 14 000 ans et est identifié (R-L754)
17. R-L389/ => Environ 17,100 AD Eurasie
18. R-P297/ => Environ 15,600 AD. Une majorité d'Eurasiens R1b entrent dans cette sous-clade³.
19. **R-M269** => 13,500 AD (Autour de la mer Caspienne). Très commun à travers l'Europe de l'Ouest, cet haplogroupe⁴ peut se trouver également en moindre importance dans de nombreuses autres parties de l'Eurasie occidentale et de la Méditerranée. (Cet haplogroupe est aujourd'hui la lignée dominante dans toute l'Europe de l'Ouest. On le trouve en moindres fréquences en Turquie et dans le nord du Croissant fertile⁵.)
20. **R-L23** => 6 500 AD (Aux environs du Caucase)
21. R-L51/M412 => Vers 6 100 AD. En Eurasie

22. R-L151/P310/P311 => Âge: TBD². Eurasie. 4 800 AD
23. R-P312/S116 > About 4 800 AD. Eurasie)
24. **R-Z290**=> Eurasie
R-L21=> Environ 4 500 AD Eurasie (Selon FamilyTreeDna⁶ : environ 2 600 BC)
1. R-DF13 => Environ 4 200 AD. Origine: Eurasie
2. **R-ZZ10** Eurasie
3. **R-Z253** => Environ 4 100 AD. Eurasie (Selon FamilyTreeDna : environ 2250 BC)
4. R-Z2534 => About 4 100 AD. Eurasie
5. R-L226 => Environ 4 100 AD. Eurasie (Selon FamilyTreeDna : environ 2250 BC Irish III 600AD)
6. **R-ZZ5** Eurasia (<https://www.ytree.net/DisplayTree.php?blockID=177>)
7. **R-Z2185**_Eurasie About 4,100 AD <https://www.ytree.net/BlockInfo.php?blockID=3800>
8. **R-BY44331** Eurasie (<https://www.ytree.net/BlockInfo.php?blockID=3800>)
9. **R-Z2186** => About 4 100 AD. Eurasie <https://www.ytree.net/BlockInfo.php?blockID=3800>
10. **R-FGC48803**⁷
11. **R-FT236025** (La lignée des LESSARD) => Année ?

1. « Peut-on se fier aux tests d'ADN offerts par les compagnies de généalogie? » Nancy Desjardins, journaliste à La Facture, qui a consacré un reportage complet sur la valeur des tests d'ADN qui sont offerts par des compagnies telles Ancestry. <https://ici.radio-canada.ca/premiere/emissions/au-coeur-du-monde/segments/entrevue/149966/adn-epicerie-test-genealogie>
2. Heyer, Evelyne. *L'odyssée des gènes*. Flammarion. Édition du Kindle, 2020, p. 295.
3. Isabelle Audet. « Tests d'ADN: notre histoire au labo ». [https://](https://www.lapresse.ca/vivre/societe/201807/06/01-5188571-tests-dadn-notre-histoire-au-labo.php)

4. <https://www.myheritage.fr>
5. <https://www.ancestry.ca/>
6. <https://www.familytreedna.com/>
7. Heyer, Evelyne. *L'odyssée des gènes*, P. 298).
8. Heyer, Evelyne. *L'odyssée des gènes*. P. 7.
9. Heyer, Evelyne. *L'odyssée des gènes*. P. 22-23.
- 10.A. [https://weblgn.ac-noumea.nc/svt/1S-2012/Autre-cours-genetique-](https://weblgn.ac-noumea.nc/svt/1S-2012/Autre-cours-genetique-mutation.pdf)

mutation.pdf.

- 11.« En somme, on peut estimer que Sapiens dans on acception la plus moderne existe seulement depuis 10 000 ans. » Bon, François. *Sapiens à l'œil nu*. Éditions CNRS, 2019, p. 58. ROBERTS, John et autres reprennent cette même affirmation en ces termes: « Tous les grands groupes régionaux sont en place vers 10 000 avant notre ère. » in *Histoire du monde*, tome 1 (p. 55). Place des éditeurs. Édition du Kindle.
12. <https://www.science-et-vie.com/questions-reponses/adn-que-change-une-difference-de-1-ou-2-d-avec-les-grands-singes-11017>.

De : David Lasser

À : Charles-Eugène Lessard

Envoyé : 12 févr. 2021

Merci de m'avoir envoyé l'avant-publication de l'article « Sur le chemin de mes ancêtres lointain », que j'ai vraiment apprécié. Je ne savais pas qu'ils avaient trouvé un niveau en dessous de R-FCG48803. J'avais été sur le site FTDNA, mais je n'ai jamais remarqué qu'ils avaient changé notre désignation Haplogroup en R-

FT236025. J'espère que nous pourrions obtenir quelques descendants de Lessard supplémentaires pour passer le test Big Y; ce serait très utile pour confirmer les données.

Les trois sous-groupes ci-dessous R-FCG48803 maintenant découverts sont très utiles pour comprendre comment les Duncans et les autres sont si étroitement liés à nous sur la lignée paternelle directe. Pour moi, je pense qu'un de nos ancêtres communs est allé en Angleterre avec Guil-

laume le Conquérant en 1066 (de notre ère). Il s'est peut-être marié là-bas, puis a décidé plus tard de retourner en Normandie. Il a probablement laissé en Angleterre certains de ses enfants, qui étaient peut-être des adultes à l'époque. Cela aurait pu être un autre Normand à une époque différente, mais l'époque de 1066 a fourni beaucoup de Normands en Angleterre tous en même temps.

[RETOUR](#)