

L'analyse génétique appliquée à la généalogie des familles de Haynin, de Hennin, Dhennin et Hénin

Des dizaines d'articles académiques consacrés au sujet, des milliers de projets d'étude de noms de familles accessibles par Internet avec pour certains des dizaines d'individus testés aux quatre coins du monde : c'est la démonstration certaine de l'explosion de la généalogie génétique depuis peu. Si l'analyse génétique est largement utilisée pour l'étude des premières migrations humaines (voir figure n° 1), comment l'utiliser pour les recherches généalogiques ?

Les patronymes ont été créés aux environs de 1200 et nous sommes séparés de nos premiers ancêtres porteurs de notre nom par 25 générations environ (3 générations par siècle). Comme les recherches généalogiques ne permettent pas d'aller le plus souvent au-delà de 10 à 15 générations, les tests génétiques vont permettre d'établir si deux personnes portant le même patronyme sont cousines, à quel degré, mais avec une marge d'incertitude importante, et cela jusqu'à 25 générations environ.

Pour cela, il faut comparer l'ADN de ces deux personnes, mais pas n'importe quelle partie de leur ADN. Seule une partie du chromosome Y transmise de père en fils peut servir de référence et être utilisée pour déterminer le degré de parenté entre deux personnes portant le même patronyme.

Sur cette partie du chromosome Y, on distingue deux types de marqueurs, les marqueurs SNP¹ qui ont un taux de mutation très faible, 10⁻⁸ par génération, et les marqueurs STR² qui mutent assez régulièrement, en moyenne tous les 5 générations.

Si les marqueurs SNP, dont la date d'apparition est largement supérieure à 1000 ans, permettent de déterminer les groupes ethniques d'origine et la géographie des migrations, ils ne sont pas significatifs pour les généalogies, à la réserve fondamentale suivante : si deux personnes n'ont pas les mêmes valeurs de marqueurs SNP, elles ne sont pas parentes dans l'horizon des généalogies usuelles.

En comparant les valeurs des marqueurs STR du chromosome Y de deux personnes portant le même patronyme, en tenant compte des caractéristiques des mutations de chaque marqueur, et en utilisant des modèles mathématiques assez complexes, il est possible d'estimer leur distance généalogique. Plus on utilise de marqueurs, meilleure est l'estimation.

Pour vérifier cette approche et mesurer l'intérêt et les limites de la généalogie génétique, il a été mis en place en 2011 un projet « génétique appliquée à la généalogie des familles de HAYNIN » en partenariat avec l'A.G.F.H. (Association Généalogique et Historique Flandre Hainaut) et la société Igenea qui a assuré l'analyse des prélèvements biologiques et l'estimation des distances généalogiques.

Cette famille sur laquelle je travaille depuis 24 ans, comporte une vingtaine de branches non reliées généalogiquement et une branche « la maison de HAYNIN » appartenant à la noblesse belge, dont la généalogie remonte jusqu'en 1140. Le challenge, pour les descendants des 14 branches qui ont participé aux tests, était de savoir s'ils étaient apparentés ou non à la maison de HAYNIN, de connaître les liens éventuels entre leurs différentes branches et de vérifier les nombreuses hypothèses faites pour bâtir leur généalogie.

Les tests ont été réalisés en 3 étapes :

- Détermination des branches apparentées et première estimation du degré de cousinage par le test des marqueurs SNP et le test de 12 marqueurs STR,
- Détermination de la distance de l'ancêtre commun des branches apparentées par le test de 37 marqueurs STR,
- Confirmation des hypothèses généalogiques si nécessaire par le test de 111 marqueurs STR.

Les résultats ont dépassé les attentes et ont fait progresser la généalogie des familles de HAYNIN de façon significative. Deux branches se sont trouvées avec bonheur apparentées génétiquement à la maison de HAYNIN, alors que leurs descendants étaient cultivateurs. Des liens ont été établis entre différentes branches, une branche hollandaise s'est découverte des cousins dans le Valenciennois. Plusieurs hypothèses généalogiques ont été revues en fonctions des liens établis par les résultats des tests et ont permis par la suite d'établir les généalogies de façon correcte.

Mais si les tests génétiques permettent d'établir des liens, elles ne peuvent en aucun cas remplacer les recherches généalogiques. Les mutations sur les marqueurs du chromosome Y sont aléatoires et l'incertitude sur le nombre de générations est au moins de ± 4 générations. Les tests génétiques permettent simplement de dire si les hypothèses généalogiques sont conformes aux résultats des tests ou de donner une direction pour les recherches généalogiques en indiquant les liens possibles entre les branches.

Par exemple (voir figure n° 2), deux personnes appartenant aux branches de Saultain et de Baisieux de la famille de HAYNIN ont 5 valeurs différentes de marqueurs STR sur 37. Les résultats des modèles mathématiques montrent qu'elles peuvent avoir avec la plus forte probabilité un ancêtre commun à la 12^{ème} génération ± 4 générations. Ce résultat confirme les recherches généalogiques qui donnent un ancêtre commun à la 11/12^{ème} générations né vers 1550.

Mais vous allez me dire que la fidélité des épouses n'étant pas à toute épreuve, il y a bien eu quelques accidents dans toutes ces familles. C'est exact, mais sur deux cents générations, il n'a été mis en évidence que deux cas dans le projet pour la famille de HAYNIN, soit un taux de 1% ce qui est très rassurant pour la moralité de nos ancêtres. Dans les deux cas, deux personnes portant le même patronyme sont cousines généalogiquement mais pas génétiquement.

Les tests génétiques sont faits aujourd'hui surtout par des personnes recherchant leurs parents, et en France, l'établissement de l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques ne peut être fait que par décision de justice, conformément à la loi sur la bioéthique. Cependant les tests effectués dans le cadre de la génétique appliquée à la généalogie ne déterminent pas les caractéristiques génétiques d'un individu mais les caractéristiques génétiques d'un groupe d'individus,

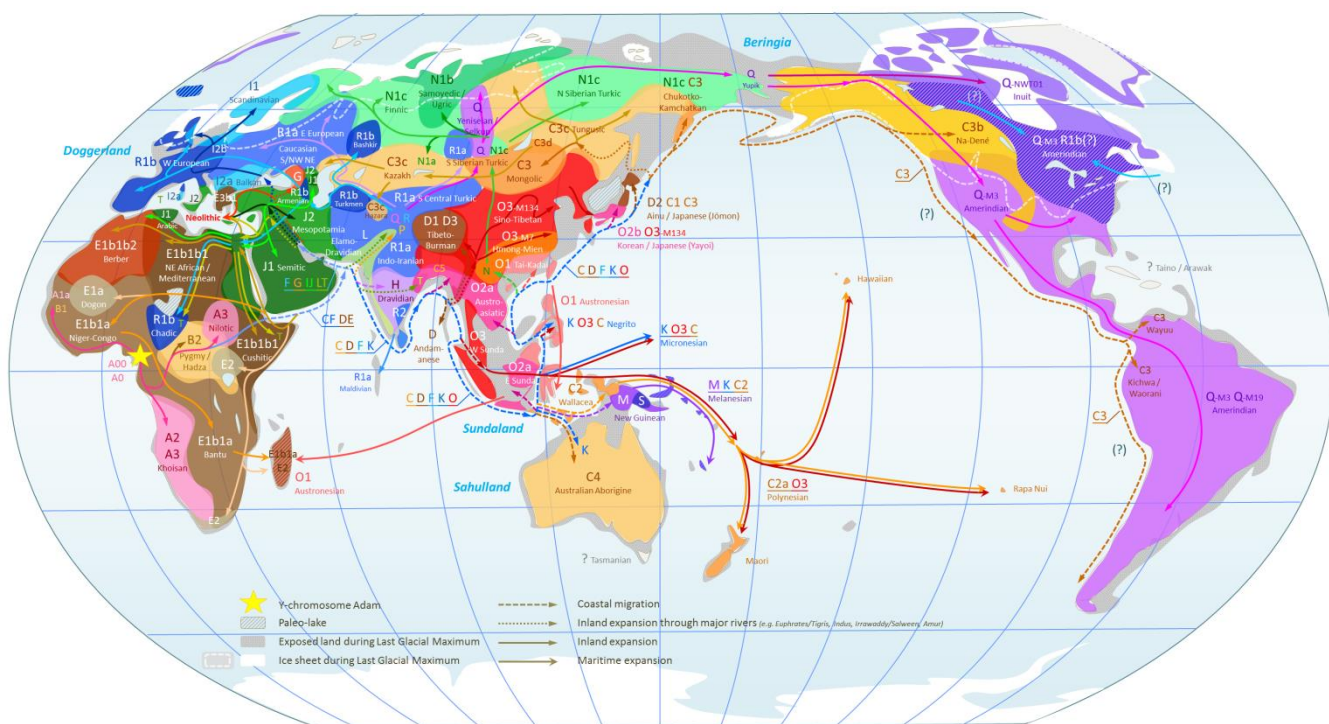
¹ Single Nucleotide Polymorphism : mutation d'une seule base de l'ADN.

² Short Tandem Repeat : modification du nombre de répétitions d'un groupe de bases.

ayant les mêmes valeurs de marqueurs sur le chromosome Y. Les tests effectués pour les recherches généalogiques ne se situent donc pas explicitement dans le cadre de la loi sur la bioéthique. Mais il convient de rester très prudent, les textes législatifs sont récents, en constante évolution, et il n'existe aucune jurisprudence aujourd'hui dans ce domaine. On ne peut que souhaiter que le législateur prenne en compte les spécificités des tests génétiques appliqués à la généalogie, en vue de les exclure explicitement du périmètre actuel de la loi sur la bioéthique.

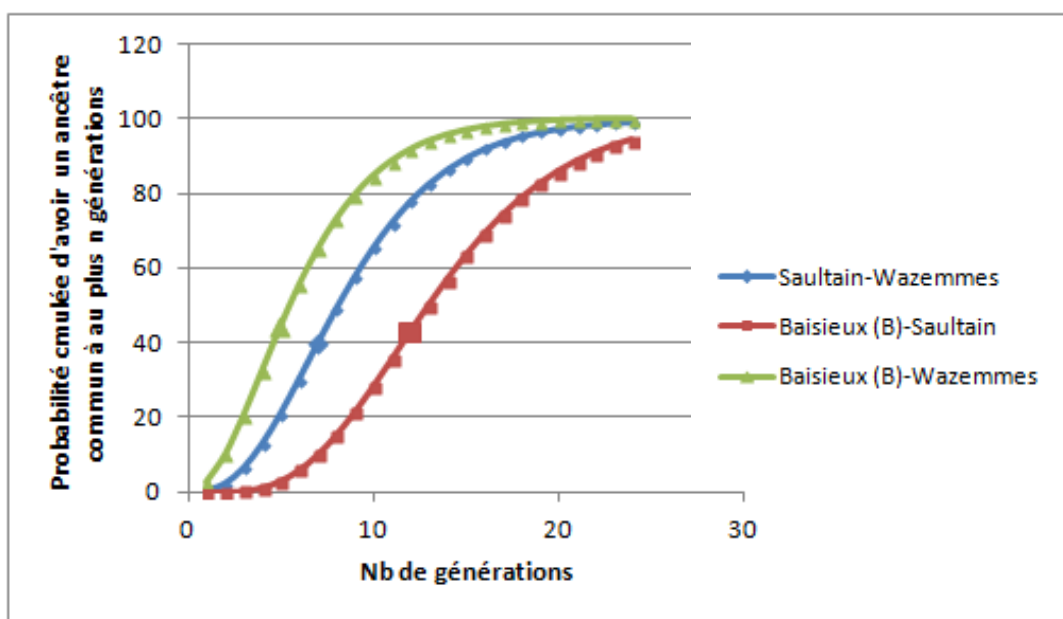
Le projet « génétique appliquée à la généalogie des familles de HAYNIN », l'un des premiers dans ce domaine, a montré comment utiliser cet outil, ainsi que les précautions à prendre pour respecter la vie privée de chacun. Le prix des tests reste malheureusement aujourd'hui encore élevé, la législation française n'encourage pas ces tests, ce qui limitera dans l'immédiat l'usage de la génétique pour la généalogie. Mais il est probable que dans les années qui viennent, ces prix vont baisser, le nombre de marqueurs disponibles va augmenter et de nombreux projets relatifs à la génétique appliquée à la généalogie verront alors le jour, c'est en tout cas mon vœu le plus cher.

Pierre Sage (A.G.F.H.)



Pour plus d'informations, vous pouvez acquérir le compte-rendu du projet « génétique appliquée à la généalogie des familles de HAYNIN » auprès de l'A.G.F.H. (<http://agfh59.free.fr/publications.htm>) : publication n° 263-E.

Figure
du
Y.
dans les
avec les
possibles
(source



n° 1 : Carte mondiale des haplogroupes chromosome
Principaux haplogroupes populations précoloniales chemins des migrations wikimedia, Chakazul)

Figure n° 2 : Exemple de résultats des tests entre trois branches