

GENEALOGIE JURASSIENNE

No 82

Informations généalogiques

Hiver 2013

Bulletin du Cercle généalogique de l'ancien Evêché de Bâle



Diligence devant la poste de Mervelier vers 1908

Editorial

La généalogie génétique

Les rapports entre la généalogie, étude des filiations et des parentés entre humains, et la génétique, branche de la biologie qui s'occupe de la transmission des caractères héréditaires, sont déjà anciens. L'utilité de la généalogie pour la génétique et la médecine, comme pour la démographie et l'histoire sociale, est reconnue depuis longtemps : elle leur fournit des sources considérables. Dans son *Traité de généalogie* paru en 1949, Otto Forst de Battaglia, un des promoteurs de la généalogie moderne relève que «les liens du sang, les faits généalogiques expliquent beaucoup de choses et ils contribuent à en comprendre davantage», citant leur «rôle prépondérant dans l'hérédité des caractères physiques».

Depuis le tournant du XXI^e siècle, une nouvelle configuration dans les rapports entre généalogie et génétique est née des progrès scientifiques et technologiques accomplis par cette dernière : la généalogie génétique, c'est-à-dire la recherche de ses ancêtres à l'aide de la technique d'identification des individus par leur ADN. Depuis son développement dans les années 1980, l'analyse d'ADN est devenue un instrument incontournable des enquêtes pénales. En avril 2000, la compagnie Family Tree DNA fit les premières propositions commerciales de tests génétiques pour la généalogie. Depuis la généalogie génétique a fait de nombreux adeptes tout en améliorant ses techniques.

Que peut-elle apporter au généalogiste ? Selon Guillaume de Morant (voir p. 9), la recherche de ses ancêtres par ADN comprend deux éléments distincts et d'un intérêt différent :

«Le premier est de remonter le plus loin possible par les minuscules variations génétiques qu'on porte chacun en nous pour se raccrocher à un haplogroupe (groupe génétique dont on connaît les mutations et les pérégrinations). On sait alors de quelle région géographique venait notre aïeul qui vivait il y a 10000 ou 20000 ans et de quel type ethnique il était. Mais pour l'instant les tests ADN ne permettent de remonter que deux branches de l'arbre généalogique pour l'homme et une pour la femme.

Le second est de comparer son profil généalogique à d'autres pour voir s'il n'en existe pas de proches du nôtre. Les bases de données élaborées à la suite de chaque test, principalement en Amérique du Nord, permettent de retrouver des cousins génétiques. Le plus intéressant est d'essayer de prouver cette parenté généalogique par les actes d'état civil».

Poursuivant ses recherches généalogiques, l'un de nos membres, François Marquis, a fait ce test ADN, lequel lui «a permis de faire plein de découvertes intéressantes et surprenantes sur les Marquis de Mervelier». Pour nous faire bénéficier de son expérience, il s'est offert de présenter sa démarche aux membres du Cercle. En introduction, dans ce numéro, il présente les principes de base des techniques de l'analyse ADN pour la généalogie. A l'assemblée générale annuelle, il fera un exposé sur *L'analyse ADN appliquée à la généalogie des Marquis de Mervelier*.

Rendez-vous le 1^{er} mars pour la première rencontre du CGAEB avec la généalogie génétique !

François Kohler

Sommaire

Intérêt généalogique des tests ADN, <i>par François Marquis</i>	3
Personnalités jurassiennes dans la descendance de Nicolas Godin , <i>par François Kohler</i>	11
Microfilms des paroisses ou communes, <i>par François Rais</i>	12
Questions/réponses	13

Intérêt généalogique des tests ADN

Par François Marquis

Depuis quelques années, les analyses ADN pour la généalogie (généalogie génétique) se sont démocratisées et sont accessibles au grand public à un prix raisonnable. Le but de cet article est de faire une présentation sur les principes de base de l'analyse ADN pour la généalogie et de faire un tour d'horizon des nouvelles possibilités offertes aux généalogistes par ces nouvelles techniques très prometteuses et en pleine évolution.

Il y a un peu plus de deux ans, j'ai lu un article de journal qui disait qu'une analyse ADN permettrait de retrouver son peuple d'origine, par exemple celtique, germanique, slave, gréco-romain, basque, ibérien ou autre. Vu que le prix était raisonnable (environ 240.-) et que le laboratoire se trouvait en Suisse, je me suis lancé dans l'aventure et je ne le regrette pas! En effet, grâce aux résultats de ces tests, j'ai pu découvrir une origine relativement rare en Suisse et en faisant des tests complémentaires sur moi ainsi que sur des cousins lointains, j'ai pu résoudre plusieurs énigmes de la famille Marquis que je présenterai dans un prochain exposé.

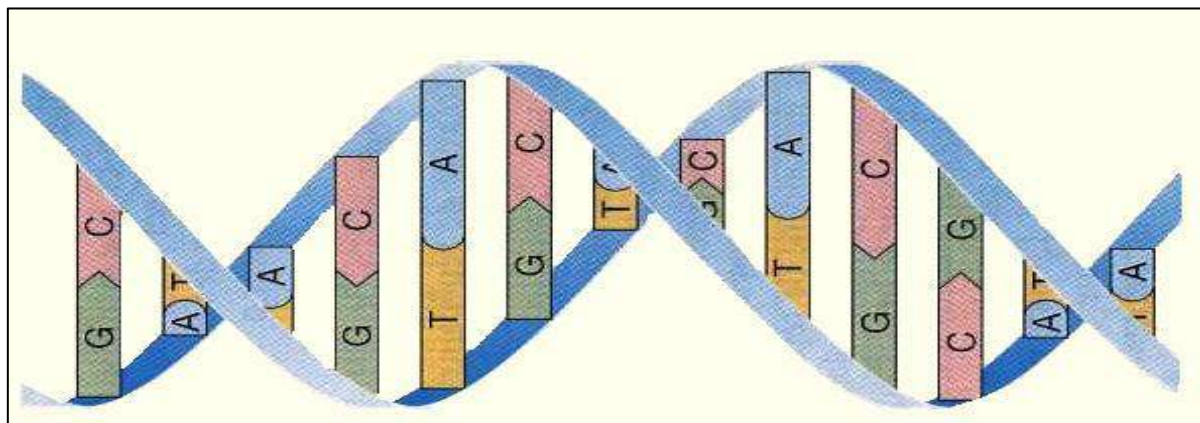
Les analyses ADN pour la généalogie ont commencé juste avant le début des années 2000, principalement dans les pays Anglo-Saxons du fait que beaucoup d'Américains et de Canadiens voulaient retrouver les traces de leurs ancêtres européens. Des enfants adoptés essayent également de retrouver leurs parents ou leurs familles.

Tout notre patrimoine génétique se retrouve dans 23 paires de chromosomes

L'ADN (acide désoxyribonucléique) a été découvert en 1953. L'ADN est une molécule de forme hélicoïdale composée de 2 brins qui se font face et reliés par des sortes de barreaux formant des paires de bases complémentaires. Dans l'ADN, il n'y a que 4 bases azotées qui sont A (adénine), G (guanine), C (cytosine), T (thymine) et qui forment une sorte d'alphabet de notre code génétique. Une suite de bases peut former un gène. Les bases azotées forment toujours des paires complémentaires (A est toujours lié avec T, et C est toujours lié avec G), ce qui fait une redondance, en effet, si on lit un brin d'ADN, l'autre est automatiquement connu.

Notre ADN, sous forme de 23 paires de chromosomes, se retrouve dans le noyau de chacune de nos cellules et renferme toute l'information nécessaire à la construction et à la croissance de notre corps.

Tout notre code génétique est donc codé uniquement à partir des 4 bases A, G, C, T, tout le détail se faisant dans l'ordre des séquences de ces paires de bases se trouvant sur la double hélice de l'ADN de nos 23 paires de chromosome. Tout notre code génétique représente environ 3.4 milliards de paires de bases pour environ 22000 gènes. Environ 1.5% du génome humain est codant (utile), le reste étant de la redondance ou étant apparemment inutile.



Séquence d'une double hélice d'ADN avec des paires de bases A G C T [Figure 1]

Tout notre passé est inscrit dans notre ADN

En fait l'ADN de nos 23 paires de chromosomes contient non seulement tout notre patrimoine génétique mais également toute l'histoire de notre passé à condition de savoir comment la lire! Les tests ADN pour la généalogie utilisent des techniques spécialement développées permettant de retracer notre passé en analysant les mutations lentes de certains secteurs d'ADN bien spécifiques. Lors de la conception d'un enfant, les patrimoines génétiques du père et de la mère sont mélangés à environ moitié-moitié dans les différents chromosomes avec une particularité spécifique pour le chromosome sexuel qui constitue la 23ème paire: Un homme a une paire de chromosome YX et une femme une paire XX, c'est entre autre ce chromosome qui permet d'identifier le sexe, d'où son nom.

Le chromosome Y vient à 100% du père et l'ADN mitochondrial vient à 100% de la mère! Ce sont ces particularités extraordinaires qui permettent de retracer notre passé en observant différentes mutations lentes sur les chromosomes Y ou l'ADN mitochondrial qui se produisent sur plusieurs générations père-fils ou mère-fille et mère-fils.

L'observation du chromosome Y, qui ne peut donc être effectuée que sur l'ADN d'un homme, permet de retracer son passé sur toute la lignée paternelle puisque ce chromosome est chaque fois transmis de père en fils, avec parfois des mutations à certains endroits. Le chromosome Y est formé d'environ 58 millions de paires de bases. La plus grande partie du chromosome Y ne contient aucun matériel génétique fonctionnel. Il n'existe que 3 maladies génétiques en rapport avec le chromosome Y, toutes en rapport avec la différenciation sexuelle.

L'observation de l'ADN mitochondrial qui se trouve dans les mitochondries des cellules peut être faite sur un homme ou sur une femme et permet de retracer tout le passé du côté maternel.

Actuellement la recherche est plus avancée et les techniques d'analyse sont les plus fines en ce qui concerne le chromosome Y retraçant le côté paternel, et je vais donc me focaliser sur cet aspect qui est aussi le plus intéressant par rapport aux patronymes transmis de père en fils.

L'homme moderne et la théorie du "Out of Africa"

La théorie actuelle basée sur l'analyse des mutations génétiques du chromosome Y est celle du "Out of Africa" qui dit que tous les hommes modernes sont des descendants d'un "Adam" originel né dans la région de la Somalie il y a environ 200'000 ans. Des découvertes ADN récentes font même penser que "l'Adam" originel pourrait être né il y a environ 340'000 ans. Ses descendants seraient sortis d'Afrique il y a 50'000 à 100'000 pour aller coloniser le monde par migrations successives faisant disparaître les représentants de l'homme de Neandertal et de l'homo erectus tout en ayant au passage effectué quelques croisements prouvés par des analyses ADN récentes [1]. La plupart d'entre nous possèdent environ 2% d'ADN de l'homme de Neandertal.

Des spécialistes ont analysé et répertorié toutes les mutations observées depuis des dizaines de milliers d'années permettant ainsi de suivre les migrations des peuples dans le monde entier. Grâce à l'analyse de l'ADN mitochondrial (transmis de mère en fille), il a par exemple été prouvé que la conquête du continent américain s'est faite en plusieurs vagues successives dont la première date d'environ 60'000 ans et la dernière d'environ 15'000 ans, lors de la dernière glaciation, des peuples mongoloïdes sont passés par le détroit de Behring [2].

Deux sortes de marqueurs pour l'analyse ADN généalogique: Y-STR et SNP

Deux sortes de marqueurs ont été identifiées sur certaines zones du chromosome Y afin de pouvoir reconstruire notre passé grâce à l'analyse des mutations qui se sont produites sur ces marqueurs au fil des générations passées.

La première sorte de marqueurs sont appelés Y-STR et ils permettent d'analyser notre passé récent jusqu'à environ 1000 ans en arrière et la deuxième sorte sont appelés SNP, ils permettent d'analyser notre passé lointain jusqu'à plus de 100'000 en arrière, voire plus!

Depuis une vingtaine d'années, un travail gigantesque a été fait et continue à être fait pour faire la corrélation des différentes mutations avec les différents peuples. D'immenses campagnes ont été lancées afin de faire l'analyse génétique des différents peuples du monde, comme par exemple le projet 1000 Genomes qui a démarré en 2008 [3], [4].

Articles et documents

- F: F est le "frère" de l'haplogroupe C et le "parent" des haplogroupes G, H, I, J, K, F, ainsi que de leur descendance. Il s'agit d'un haplogroupe relativement ancien dans la lignée des hommes anatomiquement modernes, qui serait apparu soit dans le sous-continent indien, soit au Proche-Orient il y a à peu près 50 000 ans [12]
- G: G proviendrait originellement du Moyen-Orient où il est apparu lors du Paléolithique tardif, peut-être déjà il y a 30.000 ans. A cette époque, les humains étaient tous des chasseurs-cueilleurs et dans la plupart des cas vivaient en petites tribus nomades ou semi-nomades. Les membres de cet haplogroupe semblent avoir été étroitement liés au premiers développement de l'agriculture dans le Croissant Fertile à dater d'il y a 11.500 ans, [8]
- H: H est commun à tout le sous-continent indien mais on le retrouve aussi chez les Roms. Il est issu de l'haplogroupe F et est apparu il y a 20 000 ou 30 000 ans, probablement en Inde car c'est là que sa fréquence est la plus élevée [13]
- I: I est principalement retrouvé chez les populations européennes, notamment dans les Balkans (principalement avec l'haplogroupe I2a), en Scandinavie et au nord de l'Allemagne (avec les haplogroupe I1 et I2b) ainsi que en Sardaigne. Cet haplogroupe est divisé en de nombreux sous-groupes et serait né dans les Balkans, [14]
- J1: J1 est typiquement sémitique, constituant la plus grosse partie de la population de la péninsule arabe. Sa plus forte densité a été constaté au Yémen (72%), qui doit être sa terre d'origine. La conquête musulmane du Moyen Orient, de l'Afrique du nord, et dans une moindre mesure de l'Espagne et de la Sicile propagèrent J1, [8]
- J2: On croit que J2 est apparu quelque part au Moyen-Orient vers la fin de la dernière glaciation, il y a entre 15.000 et 22.000 ans. Sa distribution géographique actuelle plaide en faveur d'une expansion néolithique à partir du Croissant Fertile, [8]
- K: K est le descendant de l'haplogroupe F et le parent des haplogroupes L, M, NO, N, O, P, Q, R, S et T. Ses variantes, les haplogroupes K1, K2, K3 et K4 sont présentes à une faible fréquence dans les populations en Asie du sud, archipel malais, Océanie et Australie. Cet haplogroupe serait apparu en Iran ou en Asie centrale il y a environ 50 000 ans, [15]
- L: L est présent principalement au Moyen Orient et dans le sous-continent indien, [8]
- M: M (M4) est typique de la Mélanésie, [16]
- N: N est typiquement associés aux peuples ouraliens, de la Finlande à la Sibérie, avec de faibles pourcentages observés jusqu'en Corée et au Japon. On pense que l'haplogroupe N serait apparu en Asie du sud-est il y a approximativement 15.000 à 20.000 ans d'ici, mais le sous-groupe N1c1 que l'on retrouve en Europe est probablement né en Sibérie du sud il y a 12.000 ans, et serait arrivé au nord-est de l'Europe il y a 10.000 ans, [8]
- O: O (M175) est prédominant en l'Extrême-Orient, [17]
- P: P (M45) contient les ancêtres de la plupart des Européens et des Amérindiens. Cet haplogroupe serait apparu dans l'Hindou Kouch ou en Sibérie il y a plus de 40 000 ans, [18]
- Q: Q (M242) est le principal haplogroupe des Amérindiens. Il est apparu en Sibérie ou en Asie centrale il y a plus de 30 000 ans, [19]
- R1a: R1a est le plus répandu en Europe centrale et de l'est. Comme R1b, R1a est associé avec l'expansion des langues indo-européennes. Les deux haplogroupes sont originaires des steppes pontiques au nord du Caucase et de la Mer Noire, [8]
- R1b: R1b est le plus courant en Europe occidentale, atteignant plus de 80 % des lignées paternelles en Irlande, dans les Highlands d'Écosse, au Pays de Galles, la frange atlantique de la France, au Pays Basque et en Catalogne. R1b est également fréquent en Anatolie et dans le Caucase, dans certaines régions de Russie, ainsi qu'en Asie centrale et du sud, [20]
- S: S est communément trouvé parmi les populations de Papouasie-Nouvelle-Guinée, [21]
- T: On pense que T1-M70 est originaire d'Asie. Les individus T1-M70, quelque temps plus tard, allèrent vers le sud en Afrique. Cet haplogroupe a une fréquence relativement haute en Égypte, Oman, Tanzanie et en Éthiopie, [22]

Une description détaillée avec répartition géographique et routes de migration de la plupart de ces haplogroupes se trouvent dans [8] et [23].

Estimation du TMRCA (temps jusqu'à l'ancêtre commun le plus récent entre 2 individus)

L'estimation du TMRCA (Time to the Most Recent Common Ancestor), temps jusqu'à l'ancêtre commun le plus récent entre 2 individus, peut être calculé statistiquement avec un certain taux de confiance en fonction du nombre de mutations observé entre leurs haplotypes. Une telle estimation donnera soit le nombre de générations jusqu'à l'ancêtre commun, soit le temps en multipliant le nombre de génération par l'âge moyen entre génération qui est souvent de l'ordre de 30-35 ans.

Le taux de mutation par marqueur dépend du marqueur concerné. Pour les tests proposés, on a en moyenne (mais varie selon les sources):

Y-STR12:	0.2% par marqueur	--> 2.4% de chance d'avoir 1 mutation entre père et fils
Y-STR37:	0.49% par marqueur	--> 18% de chance d'avoir 1 mutation entre père et fils
Y-STR67:	0.34% par marqueur	--> 22.8% de chance d'avoir 1 mutation entre père et fils
Y-STR111:	0.29% par marqueur	--> 32.2% de chance d'avoir 1 mutation entre père et fils

En se basant sur ces taux de mutation, pour un test Y-STR111 sur 111 marqueurs, on a en moyenne 1 mutation toutes les 3 générations, mais cela peut fortement varier d'un cas à l'autre à cause de la nature aléatoire des mutations. Des mutations variant entre 0 et 6 ont déjà été observées sur 10 générations alors que la moyenne devrait être de 3 selon les taux de mutation estimés. En plus de la nature aléatoire des mutations, les taux de mutation par marqueur est relativement mal connu. En plus de cela, les mutations sont parfois réversibles au fil des générations, ainsi, au lieu d'avoir 2 mutations, on n'en observe aucune.

L'estimation du TMRCA basé sur l'haplotype Y-STR de 2 personnes est donc à prendre comme une indication tout en sachant que de grandes fluctuations sont possibles dues à la nature aléatoire des mutations ainsi qu'à l'imprécision des taux de mutations estimés. Plus on fera le test entre plusieurs individus (cousins avec même ancêtre commun) et plus on prendra de marqueurs, meilleure sera l'estimation du nombre de générations jusqu'à l'ancêtre commun le plus récent (moyenne des estimations faites).

Des applications permettent d'estimer le TMRCA en fonction du nombre de mutations entre 2 individus. Le site www.moseswalker.com[24] propose le nombre de générations jusqu'à l'ancêtre commun en fonction du nombre de mutations avec un certain taux de probabilité (50% donne une bonne idée). On peut choisir le nombre de marqueurs ainsi que le taux de mutation moyen par marqueur. L'âge moyen entre génération (30-35 ans est une bonne valeur) permet alors d'estimer le temps jusqu'à l'ancêtre commun en fonction du nombre de mutations observées.

L'intérêt généalogique des marqueurs STR est clair, il permet d'une part de déterminer son peuple d'origine par la détermination par son haplogroupe et d'autre part il est permet d'estimer grossièrement le nombre de générations séparant deux ou plusieurs cousins lointains sur les 1000 dernières années.

Les marqueurs SNP, indicateurs fiables de notre passé lointain, jusqu'à plus de 100'000 ans

Les marqueurs SNP (Singular Nucleotide Polymorphism), polymorphisme nucléotide singulier, sont la deuxième sorte de marqueurs utilisés pour la généalogie génétique. Le marqueur SNP se distingue du fait que contrairement au marqueur Y-STR, il indique une mutation particulière d'une base dans une zone précise du chromosome Y qui sera transmise à tous les descendants mâles des générations suivantes. Les mutations sont très lentes et observées sur un très grand nombre de paires de bases.

Chaque haplogroupe a actuellement une liste de plusieurs dizaines de mutations SNP connues qui le caractérisent depuis son début il y a quelques dizaines de milliers d'années jusqu'à il y a 1000 à 2000 ans. La finesse d'analyse est en pleine évolution et une grande partie des SNP reste à découvrir et permettra peut-être même de se passer des analyses STR dans un futur proche. En effet, l'entreprise Full Genome Corporation [25] vient de lancer un test SNP qui couvre l'ensemble du chromosome Y. Avec un nombre de 13 millions de paires de bases de haute qualité SNP analysés, on peut s'attendre à une mutation SNP environ tous les 100 ans (le taux de mutation des marqueurs SNP est de 0.2×10^{-8} par base et par génération). Il ne manque plus que les testeurs et un travail d'analyse.

Les tests précédents avaient 10 à 20 fois moins de paires de bases analysées.

Un marqueur SNP est appelé ancestral s'il a sa valeur d'origine (noté par exemple P232-) et il est appelé dérivé s'il y a eu une mutation (noté par exemple P232+). Les noms des SNP qui sont découverts sont donnés en fonction des laboratoires qui les trouvent (P232, L339, Z73, etc).

Articles et documents

Le fait que les marqueurs SNP positifs restent inscrits une fois pour toute dans le chromosome Y de tous les descendants mâles des générations suivantes permet de suivre les mouvements migratoires des peuples et de créer des sous-groupes dans les haplogroupes en fonction de mutations SNP.

Les marqueurs SNP dérivés (positifs +) permettent de confirmer définitivement l'haplogroupe estimé à partir des marqueurs Y-STR.

Comment faire les tests ADN?

Le laboratoire qui possède la plus grande base de données est Family Tree DNA (FTDNA) [26] qui est situé au Texas. Son représentant pour la Suisse et certains pays d'Europe est iGENEA [27].

Il est possible de commander et payer un kit de test ADN par internet [27] et qui sera envoyé à votre adresse par la poste, avec toutes les explications nécessaires.

Le kit iGENEA Basic à 239.- qui propose un test sur 37 marqueurs Y-STR est un bon point de départ.

D'autres kits sont proposés pour l'analyse du côté maternel ou bien sur un plus grand nombre de marqueurs Y-STR. Il existe également des tests ADN FamilyFinder qui analysent les marqueurs SNP sur tous les chromosomes, mais ces tests sont plus prévus pour des enfants adoptés à la recherche de parents que pour la généalogie.

Une fois la commande effectuée, vous recevrez un kit de prélèvement afin de prélever des cellules à l'intérieur des joues avec une petite brosse, selon une procédure décrite (comme pour la police scientifique). Une fois le kit de prélèvement renvoyé, vous serez averti par internet de vos résultats Y-STR après environ 8 semaines. Vous aurez alors un code d'accès au site de FTDNA sur internet et vous pourrez décider si vous voulez garder ou non l'anonymat et si vous acceptez que vos résultats soient placés dans la base de données pour permettre de faire des comparaisons afin de trouver des cousins génétiques (au niveau Y-STR) qui seront automatiquement informés par email. La connaissance de l'anglais est un grand avantage.

Avec plus de 600'000 haplotypes dans la base de données de Family Tree DNA, les possibilités de trouver des cousins génétiques deviennent très intéressantes. Une fois qu'un cousin a été détecté (avec un certain nombre de mutations indiqué), il pourra être contacté par email afin d'éventuellement faire des tests SNP complémentaires par exemple ou pour échanger son arbre généalogique.

Par internet et directement chez FTDNA, il est possible de commander des extensions de tests à 67 ou 111 marqueurs Y-STR à partir de 37 ou bien de commander des tests SNP en fonction de son haplogroupe, afin de confirmer celui-ci ou bien de déterminer un sous-groupe. Le prélèvement de cellules effectué la première fois est conservé au Texas et est suffisant pour plusieurs tests ultérieurs.

Sur le site de FTDNA, il est possible de s'inscrire dans des projets en fonction de son haplogroupe ou bien de son pays d'origine. Il existe également de nombreux forums de discussions où il est possible de discuter des derniers SNP découverts, des nouveaux tests ADN et d'échanger des informations très utiles. Suivre ces forums est primordial car l'analyse ADN est en perpétuelle progression.

Des analyses ADN sont en train d'être faites sur des ossements d'hommes vieux de 8'000 ans découverts à Loschbour (Luxembourg) et Motala (Suède). Leurs haplotypes et leurs marqueurs SNP permettront d'avoir une idée plus précise des migrations réelles des peuples dans ces temps-là.

Avec les nouvelles techniques d'analyses ADN, d'autres recherches de ce type permettront de confirmer ou d'affiner l'histoire des migrations des peuples de ces derniers milliers d'années, la présence ou non de SNP récents permettra de déterminer leur apparition dans le temps.

Protection des données, loi française, précautions à prendre

La protection des données et l'utilisation de l'ADN pour des analyses autres que généalogiques est bien sûr une préoccupation pour tout utilisateur potentiel d'analyses ADN.

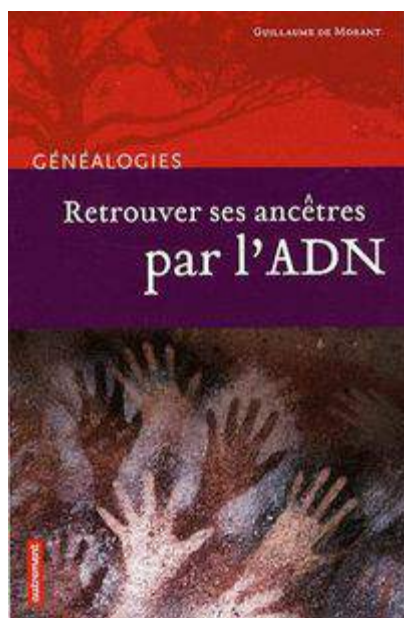
La société iGENEA traite et stocke les données strictement selon la loi suisse de la protection des données (LPD). La société FTDNA qui stocke ensuite les données aux USA applique une politique de confidentialité stricte en suivant le programme U.S.-EU Safe Harbor, la directive de la protection des données de la commission européenne. FTDNA s'engage aussi à ne faire que des tests ADN qui concernent la généalogie. Le chromosome Y est très neutre en indicateur de maladies.

Chaque kit de test ADN est numéroté anonymement. Lors de la réception des résultats, le testeur a le choix de rester anonyme ou bien d'accepter de rendre ses données et ses tests accessibles dans la base de données et de s'inscrire dans des groupes spécifiques (haplogroupe, pays, patronyme, etc.). Dans la plupart des cas, cela fait du sens de ne pas rester anonyme si l'on désire rechercher des cousins génétiques, mais il est possible de rester anonyme tout en ayant ses données dans la base, il faut alors utiliser une adresse email sans lien avec son nom.

Aussi étonnant que cela puisse paraître, la France est l'un des pays les plus stricts en matière d'analyses ADN, elles sont interdites pour les privés. Mais la loi française paraît disproportionnée pour la généalogie génétique et dans la pratique il ne se passe pas grand-chose pour les contrevenants qui commandent leur kit en Suisse par internet.

Un dernier point à mentionner est celui des cas de non-paternité. En effet, les cas de non-paternité sont tout de suite mis en évidence par la comparaison des marqueurs Y-STR de deux cousins lointains puisque les haplogroupes correspondants seront différents. Cela sera le cas lors d'adoptions ou bien d'aventures extraconjugales avec naissance. Si l'on fait tester un cousin lointain, il faut clairement qu'il accepte la découverte possible d'un cas de non-paternité ou bien il faut alors décider au préalable de ne lui révéler aucun résultat quel qu'il soit.

Le livre "Retrouver ses ancêtres par l'ADN" [28] donne des informations intéressantes sur les analyses ADN.



Les éditions Autrement publient un nouvel opus de leur collection "Généalogies", consacré à l'ADN. Et autant le dire de suite, Guillaume de Morant nous offre un livre très intéressant sur la question. Il part d'interrogations légitimes sur le bien fondé de la génétique pour les recherches généalogiques. Est-ce sérieux ? Quelles certitudes scientifiques ? Les résultats ont-ils une valeur ?

Depuis quelque temps, fleurissent sur Internet des sites proposant l'analyse de votre ADN afin de déterminer votre origine. Dans un premier temps, l'auteur nous explique l'offre proposée. Il y a deux types de test : l'un basé sur votre branche

paternelle et l'autre sur la branche maternelle (mitochondrial) ; les deux ne sont qu'agnatique. Quel est l'intérêt, ces tests ne donnent pas de noms, lieux ou métiers permettant de compléter votre généalogie ! Néanmoins, ils permettent de définir votre haplogroupe, à savoir un pourcentage de vos origines génétiques, et de ce fait un territoire géographique avec sa migration. Egalement, le test mitochondrial aboutit à retrouver la trace de l'une de vos ancêtres qui vivait au paléolithique. Enfin, cela peut vous permettre si vous acceptez de rentrer dans une base de données de découvrir un cousin génétique.

Est-ce sérieux ? Oui, selon l'auteur, qui retrace l'historique des lois de l'hérédité et la genèse de la généalogie génétique (Cavalli-Sforza et Sykes). Cependant, il reste des incertitudes (le test mitochondrial est encore imprécis) et des questions éthiques (les sites mélangent ADN et médecine, quid des bases de données et de leur utilisation). La législation française ne permet pas ce type d'analyse au contraire d'autres pays (USA, Suisse, Espagne) ; elle s'avère donc dépassée. Guillaume de Morant dit son scepticisme au début de son investigation et son adhésion ensuite à cette jeune discipline qui permettra selon lui d'ouvrir d'autres perspectives pour les généalogistes. Un guide clair et didactique.

Source : Géninfos. L'actualité des archives en ligne par Guillaume de Morant.
(<http://geneinfos.typepad.fr/geneinfos/2009/04/retrouver-ses-ancetres-par-ladn.html>)

Conclusion

Les analyses ADN pour la généalogie ont fait des progrès considérables ces dernières années tout en ayant été démocratisées en étant vendues à des prix abordables. Aujourd'hui tout le monde peut se payer le luxe de faire des tests ADN afin de trouver son peuple d'origine de l'Antiquité et il y a quelques milliers d'année et résoudre certaines énigmes de familles en faisant tester des cousins lointains.

Il a été mis en évidence que tous les hommes modernes descendent d'un ancêtre commun né en Afrique il y a environ 200'000 ans. Ses descendants sont ensuite sortis d'Afrique par vagues successives pour conquérir le monde il y a environ 70'000 ans.

Tout le secret de notre passé d'homme est enregistré sous forme de mutations lentes (marqueurs SNP) et rapides (marqueurs Y-STR) dans le chromosome Y et qui se transmettent de père en fils. Le même genre d'analyse existe aussi pour les femmes (transmission mère-fille de l'ADN mitochondrial).

Les marqueurs Y-STR (Short Tandem Repeat) permettent de révéler son passé récent jusqu'à 1000 ans ainsi que son peuple d'origine. Ces marqueurs à taux de mutation assez élevé permettent d'estimer grossièrement le nombre de générations séparant deux cousins lointains et aussi de vérifier si des noms de familles identique sont liés ou non. Du fait du taux de mutation élevé, les marqueurs Y-STR d'aujourd'hui n'ont plus rien à voir avec l'"Adam" d'origine, il faut analyser les marqueurs SNP.

Les marqueurs SNP (Singular Nucleotide Polymorphism) permettent de retracer l'historique des mutations jusqu'il y a plus de 100'000 dans le temps, leurs taux de mutation sont très faibles. Ces marqueurs permettent de suivre les migrations des peuples et d'identifier clairement l'appartenance du testeur à un certain peuple ou sous-groupe particulier. Les derniers tests permettent de tester tout le chromosome Y ce qui va faire faire des progrès énormes sur la compréhension de notre passé.

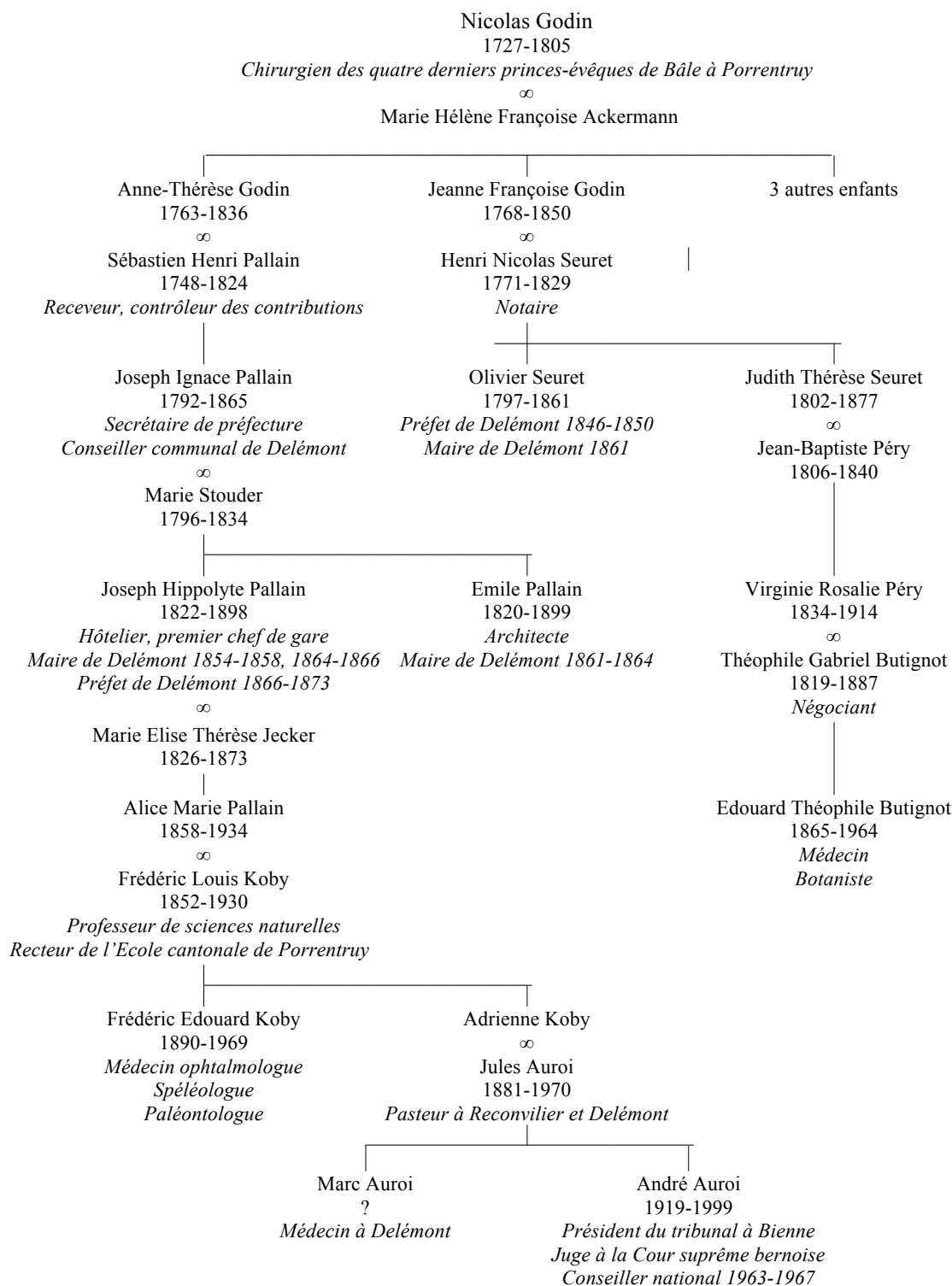
Références

- [Figure 1]: <http://insectopia.forumactif.org/t2716-la-genetique-phases>
[1]: http://en.wikipedia.org/wiki/Recent_African_origin_of_modern_humans
[2]: http://fr.wikipedia.org/wiki/Premier_peuplement_de_l'Am%C3%A9rique
[3] http://fr.wikipedia.org/wiki/Projet_1000_Genomes
[4] <http://www.1000genomes.org/about>
[5] <http://www.isogg.org/>
[6] <http://www.hprg.com/hapest5/>
[7] <http://members.bex.net/jtcullen515/haplotest.htm>
[8] http://www.eupedia.com/europe/origines_haplogroupes_europe.shtml
[9] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_B_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_B_(Y-ADN))
[10] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_D_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_D_(Y-ADN))
[11] http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_E
[12] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_F_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_F_(Y-ADN))
[13] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_H_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_H_(Y-ADN))
[14] http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_I
[15] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_K_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_K_(Y-ADN))
[16] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_M_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_M_(Y-ADN))
[17] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_O_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_O_(Y-ADN))
[18] http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_P
[19] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_Q_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_Q_(Y-ADN))
[20] http://www.eupedia.com/europe/Haplogroupe_R1b_ADN-Y.shtml
[21] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_S_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_S_(Y-ADN))
[22] [http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_T_\(Y-ADN\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Haplogroupe_T_(Y-ADN))
[23] <http://www.familytreedna.com/pdf-docs/2010-ydna-migration-map.pdf>
[24] <http://www.moseswalker.com/mrca/calculator.asp?q=1>
[25] <https://www.fullgenomes.com/>
[26] <http://www.familytreedna.com/>
[27] <https://www.igenea.com/fr/home>
[28] Guillaume de Morant, *Retrouver ses ancêtres par l'ADN*, Editions Autrement , 2009.

Aperçu sur la descendance de Nicolas Godin

Dans le cimetière de Delémont, près de la chapelle Saint-Michel, trois vieilles pierres tombales, encastrées côte à côte dans le mur est, entretiennent le souvenir d'une famille Seuret, bourgeoise de Delémont depuis 1769, venant de Courrendlin. En cherchant à en savoir plus sur les personnes, dont les inscriptions évanescentes fournissaient les noms, je suis tombé sur un arbre généalogique intéressant dans l'ouvrage *Observations médico chirurgicales extraites du journal de pratique de Nicolas Godin*, édité par Jean-Pierre Gigon, Bernard Chapuis et Damien Bregnard (SJE, Porrentruy, 2009) : la descendance de Nicolas Godin, dont le nom d'une des filles, qui avait épousé Henri Seuret, figurait sur une des pierres tombales. D'où l'idée de compléter, avec mes notes puisées à différentes sources, cette table de descendance, montrant les liens entre les familles Godin, Pallain, Seuret, Butignot, Koby et Auroi, qui ont marqué la vie politique, médicale et scientifique jurassienne.

François Kohler



La page Internet

Microfilms des paroisses ou communes

par François Rais

Adresse : https://familysearch.org/eng/Library/FHLC/frameset_fhlc.asp

Fonction : Le site donne un aperçu des registres microfilmés par les Mormons.

Pour chaque paroisse ou commune, on trouve les informations sur les périodes qui ont été microfilmées.

Propriétaire du site : L'Église de Jésus-Christ des Saints des Derniers Jours, Église chrétienne fondée dans l'État de New York en 1830 par Joseph Smith.

Accès : Pour rechercher un aperçu des microfilms :

- Choisir : Place Search.
- Sous Place : entrer le nom de la paroisse
- Choisir dans la liste la paroisse désirée
- Cliquer sur Topics désiré : Church (paroisse), Civil (état-civil), Notarial (notaires), etc.
- Choisir dans la liste le thème voulu
- Sur l'aperçu cliquer sur : View Film Notes

Descriptif : Le site <https://familysearch.org/> permet d'autre part de faire des recherches, de développer une généalogie. Nous ne présentons aujourd'hui que la possibilité de trouver le contenu des microfilms disponibles.

Remarques :

- Les numéros de films ne correspondent pas aux numéros des archives cantonales
- Pour le Jura et le Jura bernois, certains registres n'étaient pas disponibles lors de la période de microfilmage. Ils peuvent être consultés en partie aux Archives cantonales. Il n'existe malheureusement pas de listes de ces registres.
- L'accès au contenu des registres microfilmés est en partie accessible. Pour du canton de Berne, on ne peut les consulter que dans les centres Mormons (par exemple à Pratteln); pour Bâle-Ville et Schaffhouse l'accès est sans restriction sur tout poste internet.

Exemple :

- 1)Saint-Imier [Switzerland, Bern, Saint-Imier](#)
- 2)[Switzerland, Bern, Saint-Imier - Church records](#)
Switzerland, Bern, Saint-Imier - Civil registration
Switzerland, Bern, Saint-Imier - Notarial records
- 3)Kirchenbuch, 1830-1877 Evangelisch-Reformierte Kirche Sankt Immer (Bern)
Record of members, 1857-1884 Church of Jesus Christ of Latter-day Saints. St. Imier Branch (Bern)
Record of members, 1860-1947 Church of Jesus Christ of Latter-day Saints. Biel Branch (Bern)
Registres de l'église réformée de Saint-Imier (Berne), 1645-1875 Eglise réformée de Saint-Imier (Berne)
Registres paroissiaux, 1858-1875 Eglise catholique. Paroisse de Saint-Imier (Berne)
- 4)Baptêmes 1645-1780 - FHL INTL Film [2005747 Items 3-4]
Baptêmes 1780-1794 baptêmes 1762-1769 (addenda) baptêmes 1794-1797 Communiant 1799-1814 baptêmes 1799-1815 Communiant 1814-1815 baptêmes 1816-1831 - FHL INTL Film [2005748]
Baptêmes 1831-1863 - FHL INTL Film [2005749]
Baptêmes 1874-1875 - FHL INTL Film [2005750 Items 1-4]
Mariages 1723-1794 Publications de mariage 1806-1808, 1816-1835 Mariages 1806-1862 - FHL INTL Film [2005751 Items 4-6]
Mariages 1862-1875 - FHL INTL Film [2005752 Items 1-2]
Publications de mariage 1835-1863 - FHL INTL Film [2005752 Items 5-6]
Publications de mariage 1863-1875 - FHL INTL Film [2005753 Items 1-2]
Sépultures 1724-1765, 1769, 1766-1769, 1816-1865 - FHL INTL Film [2005753 Items 4-7]
Sépultures 1865-1875 - FHL INTL Film [2005754 Items 1-2]
Communiant 1723-1738, 1756-1769, 1771, 1738-1756 - FHL INTL Film [2005754 Item 5]

QUESTIONS - REPONSES

Avertissement : cette rubrique cherche à promouvoir l'entraide entre les membres du Cercle d'une part et avec les chercheurs qui s'intéressent à des familles jurassiennes d'autre part. Les questions et les réponses doivent être adressées au président du Cercle; elles paraîtront dans le bulletin suivant. Il s'agit de faire profiter le plus grand nombre de chercheurs des informations qu'elles contiennent.

??? QUESTIONS ???

Question No 879

Chételat

Josef Baader

Recherche la date et le lieu de mariage de Joseph Chételat, ° 6.11.1878 à Montsevelier, † 4.7.1950 à Delémont, avec Thérèse Césarine Freléchoux, ° 3.9.1882 à Vermes, qui devrait avoir eu lieu entre 1900 et 1911.

Question No 880

Freléchoux

Josef Baader

Recherche l'ascendance de Thérèse Césarine Freléchoux, ° 3.9.1882 à Vermes, fille de François Freléchoux et Josephine Schaller, mariée à Joseph Chételat.

Question No 881

Boillat

Ginette Pradeilles-Boillat

Recherche l'ascendance de Jean-Joseph Boillat, ° en 1689 à La Chaux, mariée à Marie Elisabeth Faivre, ° 1695 à Montfaucon (Pré Petitjean), fille de Jean-Jacques Faivre, ° 2.8.1655, † entre 1705 et 1722, et de Catherine N.

Question No 882

Houriet

Carlos Ambrosio

Recherche informations sur la famille de Jean-Pierre Houriet, de Sonvilier et Mont-Tramelan, fils de Jean-Jacques, et Cécile (Céline) Vuilleumier, de Tramelan-dessus, mariés à Tramelan le 10.11.1792, ainsi que sur celle de son fils Henry Louis, de Mont Tramelan, marié à Tramelan le 16.1.1813 à Marie Etienne, de Tramelan dessous, décédée le 2.6.1824. Il s'est remarié le 15.9.1825 à Court avec Rosalie Rossel, de Tramelan dessus, fille de Théophile et Cécile Gagnebin.

Question No 883

Joliat

Bill Mills

Recherche la naissance et l'ascendance de Jean Joliat, de et né à Courtételle, marié à Barbe Gosen, décédé à Nordhouse (F 67) le 18 avril 1767.

Question No 884

Hecheman(Eschmann)

Françoise Navicet-Schmann

Recherche l'ascendance de Jean Jacques Hecheman, de Vellerat, fils de Jean-Jacques Hecheman et Marguerite Deroche Heicheman, des Hautes Roches, marié le 19.6.1758 à Courrendlin à Marie Ursule Petit, née vers 1736, fille de Louis Petit et Anna, née Scherrer.

NDLR : L'ascendance de Marguerite Deroche Heicheman a été publiée dans le bulletin No 34 (Réponse No 338).

Question No 885

Brahier (Brayer)

Jocelyne Cathelineau

Recherche l'acte de baptême d'Etienne Joseph Brayer, né à Lajoux, âgé de 34 ans lors de son mariage à Surgères (F 17) le 29.9.1783, fils de feu Jean-Baptiste Brayer et de feu Marie-Barbe Miséré, ainsi que le mariage de ses parents et leur ascendance.

Question No 886

Rennwald

Jean-Claude Rennwald

Recherche l'ascendance de Jean Rennwald, de Delémont ° 6.10.1926 à Delémont, † 20.10.1989 à Binningen, ∞ 24.10.1952 à Delémont, fils de Jules Alfred Rennwald, de Belfort, puis Delémont (1941), ° 30.9.1881, † 27.5.1958 à Delémont, marié à Géromine Rosa Riat née Boichat, ° 1890, † 30.5.1958, petit-fils de Joseph Rennwald, de Belfort par option, et d'Elisabeth Albientz, de Blotzheim (F 68).

Entraide/Activités du Cercle

Question No 887

Blanchard

Doug Fowler

Recherche informations et ascendance d'Alcide Blanchard, de Saicourt (?), ° 12.4.1836 (ou mars), † 8.5.1902 à Mount Eaton, Wayne County, Ohio. Emigré aux Etats-Unis en 1854. ∞ Louisa Maillard. Recherche aussi informations sur Gustave Blanchard, ° 18.10.1828 en Suisse, aussi émigré aux Etats-Unis.

⋮ ⋮ ⋮ REPONSES ⋮ ⋮ ⋮

Réponse No 870

Voumard

G. Ecabert, R. Mordasini

Ascendance de Jean-Pierre Voumard de Tramelan

1. VOUMARD Jean Pierre, ~ 9.2.1777 à Tramelan
2. VOUMARD Jean Pierre, ° 28.9.1743, † 28.6.1817 à Tramelan
∞
3. NICOLET Marie Madelaine, ~ 2.2.1742, † 15.3.1817 à Tramelan
4. VOUMARD Pierre, ~ 28.4.1715, † 16.12.1795 à Tramelan
∞ 25.2.1740 à Tramelan
5. DEGOUMOIS Susanne, ~ 19.9.1717 à Tramelan, 1.5.1774
6. NICOLET Jean Pierre, ~ 4.11.1703 à Tramelan, † 24.9.1784
∞ 26.10.1730 à Tramelan
7. VUILLE Susanne, ~ 6.3.1707, † 3.5.1773 à Tramelan
8. VOUMARD Adam
∞ 1.12.1707 à Tramelan
9. DEGOUMOIS Susanne, ° 1670
10. DEGOUMOIS Pierre, ~27.11.1681 à Tramelan
∞ 19.2.1705 à Tramelan
11. ETIENNE Magdelaine ~ 27.1.1684 à Tramelan
12. NICOLET Jehan, ~ 1677, † après 1747, ambourg de Tramelan-dessus
∞ 1.12.1698 à Tramelan
13. HOURIET Susanne
14. VUILLE Jean, ° 1673, † avant 7.7.1720
∞ 19.11.1705
15. VUILLEUMIER Madeleine ~ 27.1.1687 à Tramelan
16. VOUMARD David, † avant 1707
18. DEGOUMOIS Pierre
20. DEGOUMOIS Jean
∞
21. JUILLARD Marie
22. ETIENNE Abraham, ° vers 1652, † après 10.4.1719, chirurgien, justicier
∞ 9.11.1682 à Tramelan
23. VUILLEUMIER Catherine, ° vers 1660
24. NICOLET Abraham, ° 1635 La Sagne, † 1699 à Tramelan, couvreur
∞ 29.10.1658
25. MONBARON Marguerite, ° 1638, † après 19.3.1982
26. HOURIET David, † avant 1.12.1698
28. VUILLE Abraham, † avant 1714
∞
29. CHATELAIN Susanne
30. VUILLEUMIER Jean, † avant 1742, hoste justicier
∞
31. CARLAN Marie

46. VUILLEUMIER Abraham, justicier † < 19.2.1705
∞
47. CHATELAIN Catherine
50. MONBARON Pierre
60. VUILLEUMIER Pierre
∞
61. N.N. Jeannette
62. CARLAN Pierre
92. VUILLEUMIER Jean, ° 1592 La Sagne, † 1678 Tramelan dessus, fils de Pierre de La Sagne
∞
93. MATHEZ Magdelaine, ° 1593 Le Locle, † à Tramelan dessus, fille de Bartholomé
94. CHATELAIN David
∞
95. BOURQUIN Marguerite
120. VUILLEUMIER Jean
∞
121. MATHEZ Magdelaine

Avertissement

Les numéros Sosa en gras indiquent une incertitude. Car il existe un doute concernant l'identité de l'ancêtre No 3 : Marie Madeleine Nicolet.

Deux Marie Madeleine Nicolet sont nées à un an d'intervalle : l'une fille de Jean-Pierre et Susanne Vuille en 1742, l'autre, fille d'Adam Nicolet et Annelet Plan, en 1743. En l'absence d'acte de mariage ou de document probant, on ne peut pas trancher définitivement.

Voici l'ascendance de la seconde :

3. NICOLET Marie Madeleine, ° 9.12.1743, † 15.3.1817
6. NICOLET Adam
∞
7. PLAN Annelet, ~ 27.3.1707 à Tramelan
14. PLAN Jean-Pierre
∞
55. GANGIN Catherine, fille de feu, David, ancien d'Essert
28. PLAN Pierre



👉👉 Dates à retenir 👉👉

Samedi 1^{er} mars 2014 à Delémont, Musée jurassien d'art et d'histoire, à 14 h. 00

Assemblée générale annuelle

L'analyse ADN appliquée à la généalogie des Marquis de Mervelier, par François Marquis

Mercredi 21 mai 2014 à Moutier, Hôtel de la Gare, à 19 h.

Samedi 27 septembre au Musée jurassien d'art et d'histoire à Delémont

Journée du 25^e anniversaire du CGAEB

Samedi 15 novembre à Moutier, Hôtel de la Gare, à 19 h.

Cercle généalogique de l'Ancien Evêché de Bâle : Bureau 2013

Président d'honneur: Jean-Philippe GOBAT

Bureau

Président: François KOHLER, Route de Bâle 34, 2800 DELEMONT

Vice-président: François RAIS, Rue Jean-Prévôt 25, 2800 DELEMONT

Secrétaire : Françoise THEURILLAT, Fin du Pertuis 12a, 2605 SONCEBOZ

Caissier: Armand NUSBAUMER, Encrannes 3, 2800 DELEMONT

Assesseurs: Marie-Claire MOUCHE, Grands-Champs 10, 2900 PORRENTURY

Adresse :

c/o François Kohler, route de Bâle 34, CH 2800 DELEMONT

Tél. : 032 422 18 84 ; courriel : frjkohler@bluewin.ch

Site Internet : www.cgaeb-jura.ch

Cotisations

Membres domiciliés en Suisse: 40 CHF

Membres domiciliés à l'étranger: 45 CHF ou 35 Euros

Accès aux actes des registres paroissiaux sur Internet

Cotisation de membre annuelle + contribution unique de 30 CHF/25 Euros

CCP : 25-14919-3

Vente du bulletin au numéro

On peut obtenir des exemplaires de ce bulletin au prix de Fr. 6.- (Fr. 4.- pour les membres)