Gilles Long

D'où est-ce que je proviens ?

Oubliez ses ancêtres,

C'est être un ruisseau sans source,

Un arbre sans racines.

(Proverbe chinois)

INTRODUCTION

Ce document, en cinq volets, se veut une étude de base en généalogie génétique, un cours 101 en la matière.

Depuis 2005, j'ai passé une série de tests ADN qui m'ont amené à parfaire mes connaissances dans un domaine qui m'était peu connu, et qui me passionne depuis.

Cet essai s'apparente beaucoup plus à une recension de lectures qu'à un travail de recherche comme tel. Je ne suis pas un chercheur de fossiles, c'est certain. En m'appuyant sur les résultats des tests du chromosome Y, il est possible de tenter d'établir notre lignée patrilinéaire (paternelle) en remontant jusqu'au dernier ancêtre commun (DAC) de l'homme et du chimpanzé.

Ce fil conducteur que nous chercherons est loin d'être facile à trouver. En fait, aucun scientifique n'a pu le faire de façon certaine. Encore moins celui qui vous écrit présentement. Mais il y a moyen de faire une tentative.

Toutefois, il est intéressant de voir comment la lignée humaine a évolué depuis la découverte de notre plus vieil ancêtre connu à ce jour. Il se nomme *Sahelanthropus tchadensis*, mieux connu sous le nom de *Toumaï*. Les paléoanthropologues estiment son âge à environ 7 000 000 d'années. Nous en parlons plus longuement dans le premier volet du présent travail.

Toumaï est donc notre point de départ, notre point d'arrivée étant Homo sapiens. Toute une odyssée en perspective. En termes actuels, nous chercherons le trajet, le parcours, le GPS de notre évolution humaine. Normalement, nous devrions pouvoir trouver la route à suivre, sans risquer de prendre le clos, comme on dit. Nous visiterons un certain nombre d'endroits, de personnages, tout en indiquant les pages à fréquenter pour approfondir les questions nécessitant un arrêt prolongé.

Si, à la fin de cette lecture, vous êtes perdu-e quelque part, vous pourrez toujours en imputer la faute à l'auteur. Bonne route

TABLE DES MATIÈRES

I – LES PRÉHUMAINS (6 – 21)

En commençant par le commencement – 7
Les préhumains – 13
Toumaï – 13
Orrorin – 14
Ramidus – 15
Les australopithèques – 16
Afarensis – 16
Sediba – 17
Boisei – 19
En dernière heure – 21

2 – LE GENRE HOMO (22 – 39)

Habilis – 23
Ergaster – 26
Erectus – 27
Antecessor – 29
Heidelbergensis – 31
Néandertal – 32
Rhodesiensis – 3
Idaltu – 38

3 – HOMO SAPIENS (40 – 55)

L'Ultime survivant – 41
Variabilité chez Sapiens – 43
Une 1re catastrophe évitée – 45
Une 2e catastrophe évitée – 46

Les migrations d'Homo sapiens – 47
La génétique des populations – 48
Les branches (haplogroupes) du chromosome Y – 49
En dernière heure – 55

4 – LA LIGNÉE PATERNELLE (56 – 84)

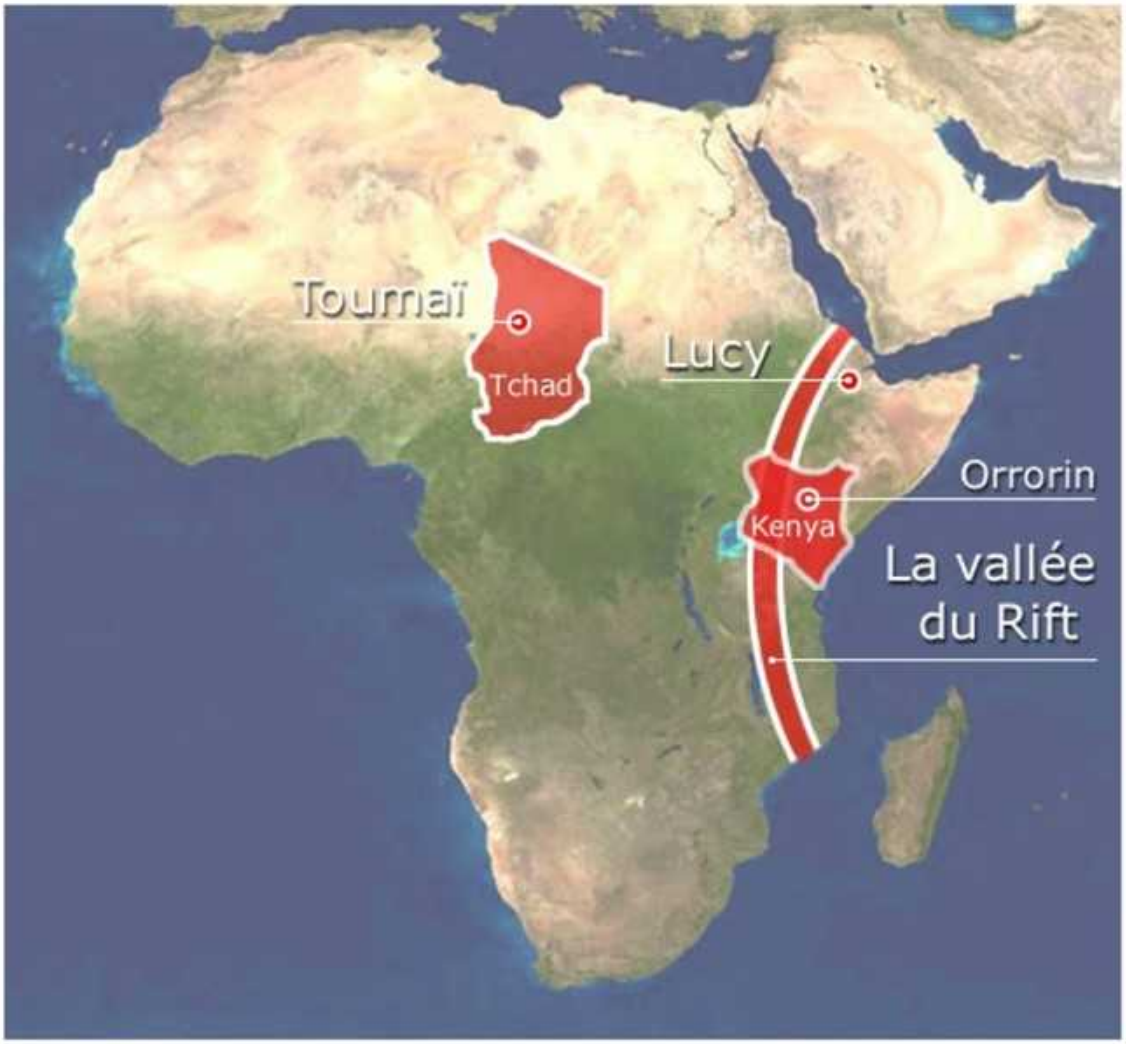
Vocabulaire de base – 57
Odyssée de ma lignée paternelle – 63
Depuis 100 000 ans – 64
Haplogroupe I : notre lignée paternelle – 69
Les deux cousins américains – 79
D'où provient Philip Long ? – 80

5 – LA LIGNÉE MATERNELLE (85 – 95)

L'ADN mitochondrial – 86
Tests ADNmt – 88
Les 7 mères d'Europe – 90
Les 37 mères du monde – 94

GILLES LONG

D'OÙ EST-CE QUE JE PROVIENS ?

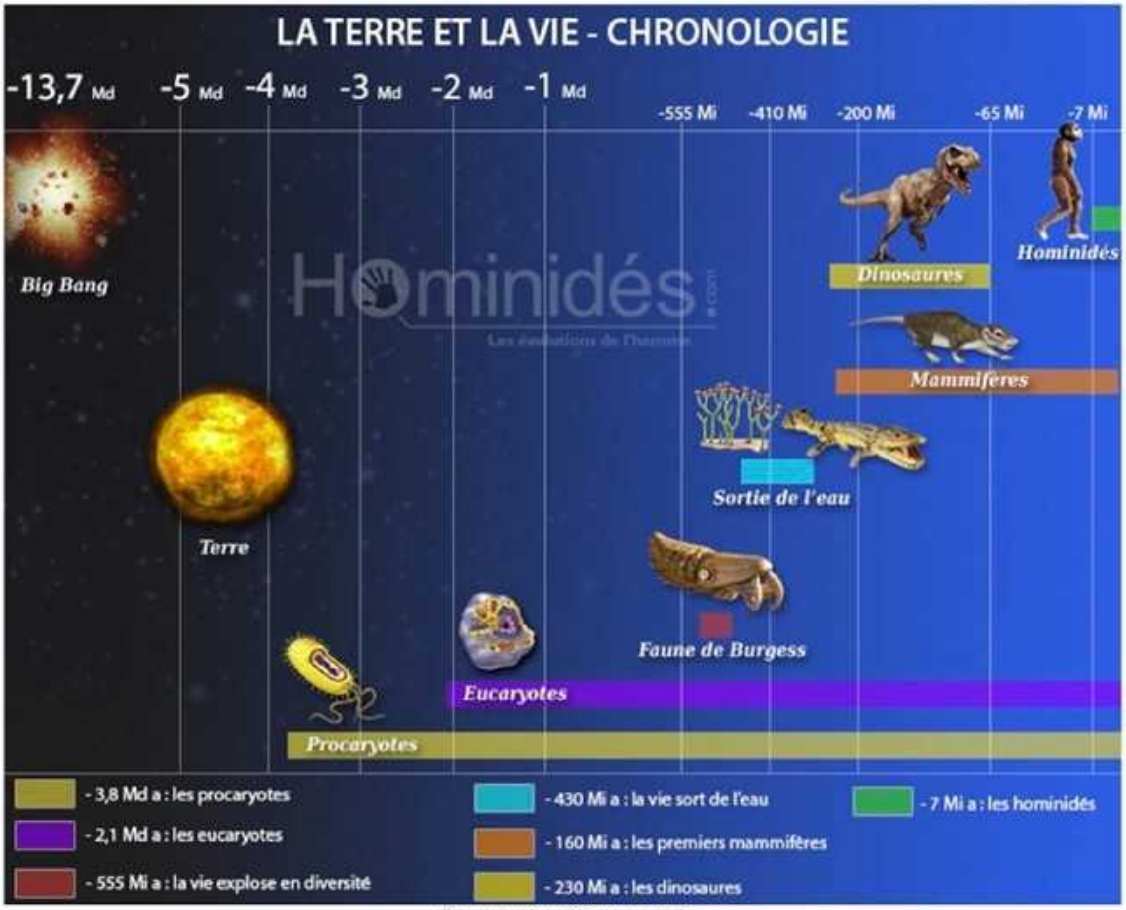


-1-

LES PRÉHUMAINS

(7 000 000 à 2 800 000 BP)

EN COMMENÇANT PAR LE COMMENCEMENT



(Source : hominides.com)

Qui ne s'est jamais posé cette question existentielle? D'où est-ce que je proviens?[1]

Notre lignée humaine a commencé voilà plusieurs millions d'années. En effet, nous avons un ancêtre commun avec les chimpanzés qui aurait existé, il y a de cela 7-8 millions d'années. On ne se pose plus aujourd'hui la question à savoir si l'homme descend du singe. Parce que l'homme est lui aussi un singe, comme nous allons le voir dans cet essai de synthèse. Mais avant…

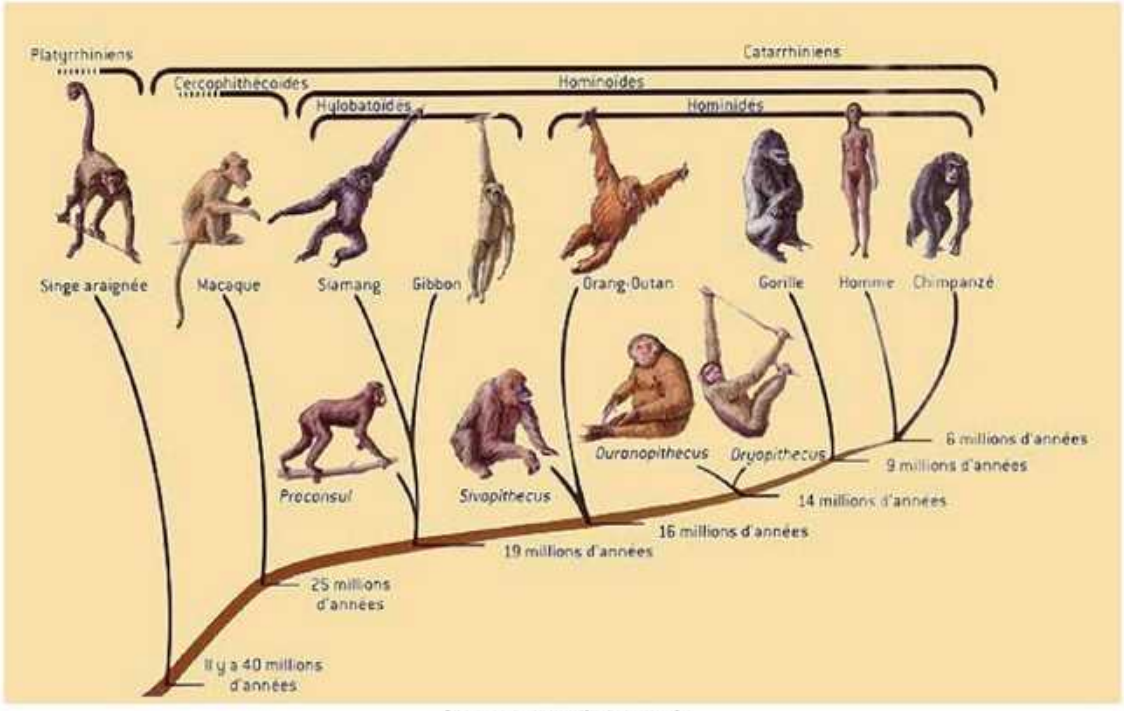
[1] En page frontispice, BP signifie *Before Present*. Une convention acceptée en français.

À l'échelle de la terre, nous sommes très jeunes, comme nous le fait voir l'image de la première page. Si nous réduisons la vie de la terre à une seule année, le premier «homme» archaïque arrive très tard le 31 décembre, vers 18h. Par comparaison, cela équivaudrait à la mince couche de poussière sur le toit de la tour Eiffel.

Cependant, nous sommes le produit - ou bien la conséquence, c'est selon - d'une longue évolution, malgré notre arrivée tardive. Toutefois, nous n'allons quand même pas remonter jusqu'à l'origine de la vie sur terre. Dans le présent travail, nous nous contenterons d'établir notre arbre généalogique à partir de nos ancêtres lointains : LES PRIMATES.

On retrouve leurs premières traces, il y 60 Ma, dans le Sud du Maroc. *Altiatlasius* ne pesait, selon les archéologues, qu'environ 120 grammes. Un poids qui ne laissait pas présager la diversité et la taille de sa descendance.[2]

LES LOINTAINS ANCÊTRES



(Source : Google images)

[2] Nos principales sources de référence dans la construction de ce document : hominides.com, wikipedia.org. et eupedia.com.

Dans l'image de la page précédente, portons notre regard sur les hominidés[3]. Nos plus proches parents sont le gorille et le chimpanzé. Notre ancêtre commun (DAC, Dernier Ancêtre Commun) avec le gorille vivait il y a 9-10 Ma, et celui avec le chimpanzé, 7-8 Ma.

Voici certains caractères que nous partageons avec notre lointaine famille :

1) Groupe des primates :
    a. - doigt (le pouce) opposable aux autres doigts.
    b. - doigts et orteils portant des ongles plats.
    c. - yeux placés en avant de la face.
2) Groupe des grands singes :
    a. - présence d'un coccyx (vertèbres soudées) à la place de la - queue.
    b. - bras plus longs que les jambes.
    c. - omoplates sur le dos.
    d. - cerveau avec des plis (sauf chez les gibbons).
3) Groupe des humains :
    a. - se tient sur ses membres postérieurs (bipèdes).
    b. - colonne vertébrale emboîtée sous le crâne (trou occipital).
    c. - bassin élargi et évasé.
    d. - bras moins longs que les jambes.

Nos plus proches «cousins» sont le chimpanzé et le bonobo. Génétiquement parlant, nous sommes identiques à 98,7% avec le chimpanzé. Il serait bien difficile de prétendre que nous ne sommes pas parents.

Mais le 1,3% qui nous sépare suffit pour expliquer nos grandes différences.

La bipédie est le premier critère d'appartenance au groupe humain. Elle permet la libération de la main, ce qui la rend adaptée à l'utilisation d'objets, avec un pouce plus facilement opposable. De plus, la colonne

[3] Hominidé = le groupe de l'homme + les grands singes.
Homininé = l'homme seulement. Exemple : on dit de Homo sapiens qu'il est un hominine.

vertébrale chez l'homme possède quatre courbures, alors que la colonne du chimpanzé n'en compte qu'une.

Le volume crânien de l'homme est plus grand que celui du chimpanzé. Chez l'homme, le trou occipital est situé «au-dessous» du crâne, permettant ainsi à la tête d'être en équilibre. Chez le chimpanzé, il est en arrière du crâne.



(Source : Google images)

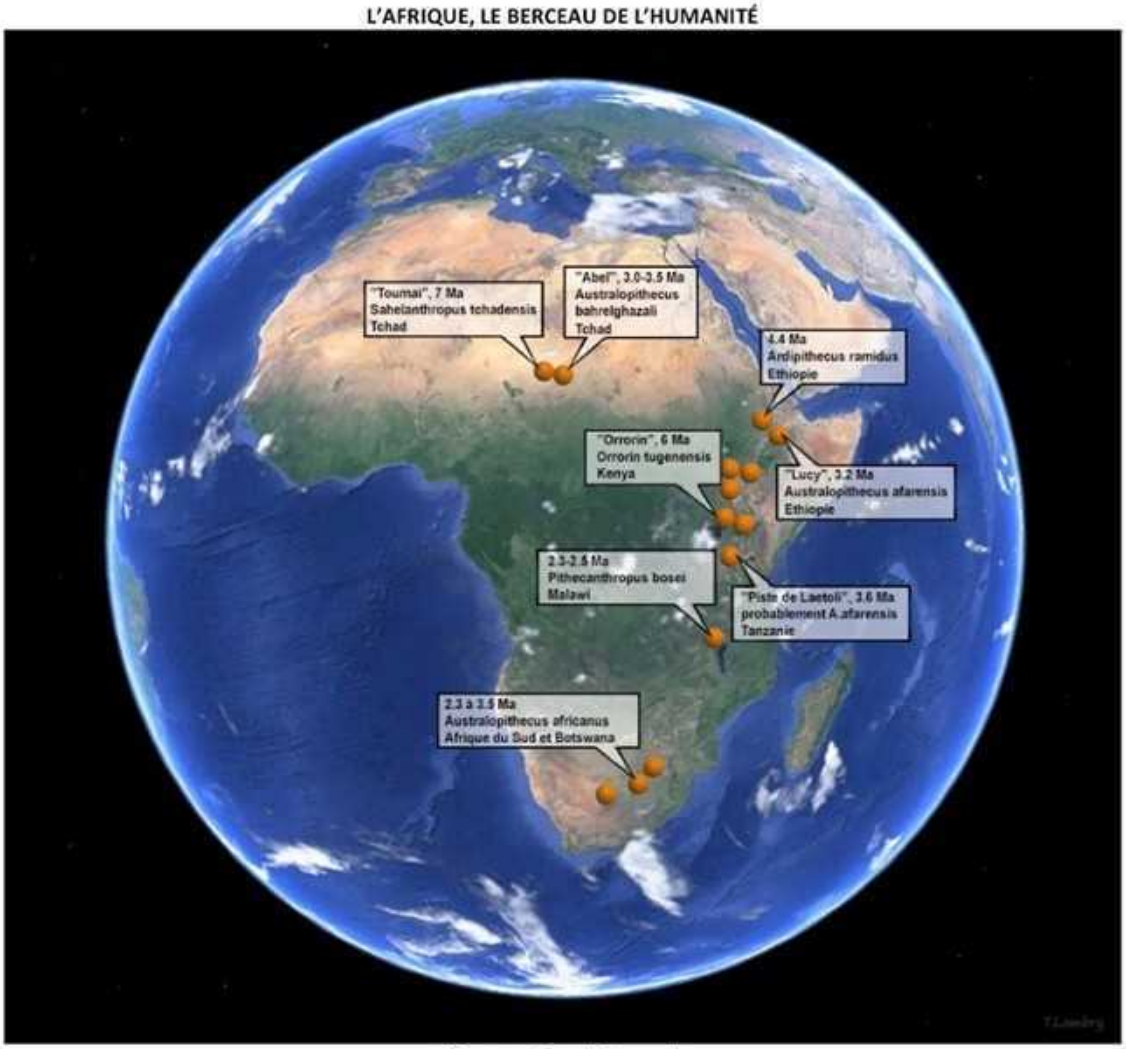
Nous sommes rendus maintenant aux pages les plus significatives de notre odyssée, laquelle sera consacrée à :

1 - nos ancêtres africains.
2 - notre sortie d'Afrique.
3 - notre arrivée en Europe.
4 - les haplogroupes (branches) génétiques.[4]

[4] Cette section intéressera, en premier lieu, les descendants et descendantes de PHILIP LONG. Ce que les tests ADN m'ont appris; et leur apport en généalogie.

Imaginons que nous sommes en Afrique de l'Est, il y 7 Ma. Ce que nous rapportons ici se base sur les plus récentes recherches en paléoanthropologie et en archéologie. Ces domaines, évoluant à la vitesse Grand V, ne laissent aucun répit aux personnes qui se passionnent pour la question de leur origine.

L'AFRIQUE, LE BERCEAU DE L'HUMANITÉ

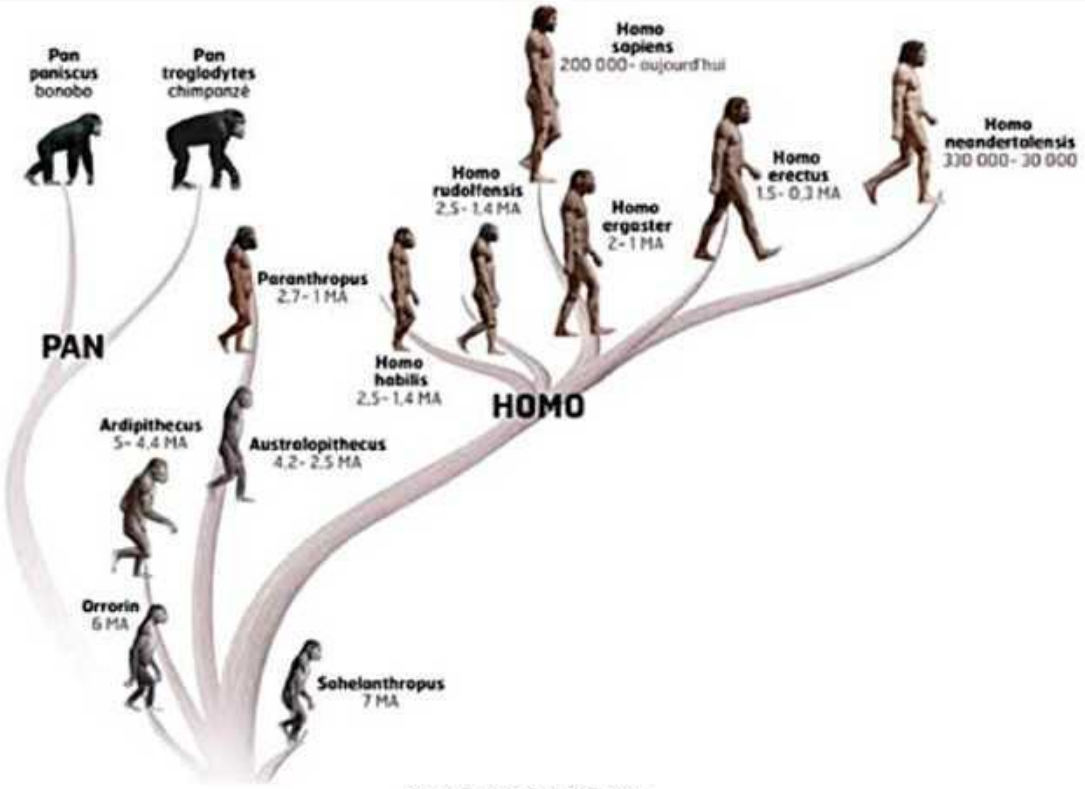


(Source : Google images)

La grande majorité des fossiles d'hominidés est située dans la vallée du grand Rift à l'Est, bien qu'on en trouve aussi au centre et au Sud de l'Afrique. Voilà pourquoi cette vallée a été nommée le *«berceau de l'humanité»*. Cette vallée présentait toutes les conditions requises pour la conservation des fossiles.

Des millions d'années d'activité tectonique et de sédimentation ont préservé et fait ressurgir à la surface des restes d'hominidés qui habitaient jadis la région.»[5] La découverte de Toumaï au Tchad a agrandi le berceau.

NOTRE ARBRE GÉNÉALOGIQUE SIMPLIFIÉ



(Source : Google images)

LES PRÉHUMAINS

Notre dernier ancêtre commun (DAC), apparu il y a 7-8 Ma, devait présenter les caractéristiques suivantes :

- **taille : environ 100 cm ; poids : 30 à 40 kg,**
- **capacité crânienne de 300 à 400 cm3,**
- **arboricole, mais bipède à temps partiel,**
- **omnivore, vivant en communauté.**

[5] Wikipedia.org : Vallée du grand Rift.

1 - Le premier ancêtre : SAHELANTHROPUS TCHADENSIS

Mieux connu sous le nom de TOUMAÏ, qui signifie «espoir de vie» en langue goran. Découvert par l'équipe de Michel Brunet, au Tchad en 2001. Selon ce professeur de l'Université de Poitiers, cet hominidé est le préhumain le plus ancien. Il aurait vécu un million d'années après la divergence homme-chimpanzé. La position à l'avant du crâne du trou occipital fait penser qu'il devait savoir marcher, tout en vivant dans les arbres. Taille : 1,15-1,25 m; poids : 23-35 kg.[6]



(Reconstitution de TOUMAÏ : Google images)

À quoi ressemblait-il? Le fossile montre une petite boîte crânienne, d'une capacité comprise entre 320 et 380 cm3, selon les calculs de Michel Brunet et de son équipe. Ce qui le rapproche des grands singes africains, tout

[6] En comparaison, le volume du cerveau d'Homo sapiens est d'environ 1400 cm3.

comme l'estimation de sa taille. Pourtant Toumaï présente aussi plusieurs caractères humains. Sa face plate, sa boîte crânienne et, il faut le dire, surtout l'emplacement de son trou occipital. C'est par cet orifice à la base du crâne que passe la moelle épinière et que s'articule la colonne vertébrale. Aigu (de 60 à 75 degrés) chez les quadrupèdes, l'angle est de 90 degrés chez Toumaï. Ce qui laisse supposer qu'il était bipède et le fait pencher *de facto* du côté des hommes.

«En mesurant simplement la taille de ses dents, il est possible de dessiner le paysage», s'enthousiasme encore aujourd'hui le professeur Yves Coppens, codécouvreur de nombreux fossiles humains, dont Lucy.[7]

2 – ORRORIN TUGENENSIS



(Reconstitution d'ORRORIN : Google images)

[7] *Toumaï, le premier homme?*, Hist. du monde, Hors-série Le Monde, page 26, (2017). On vient de découvrir, mai 2017, un ancêtre encore plus âgé que Toumaï, soit 7,2 Ma. Cette trouvaille, non pas en Afrique mais dans les Balkans, apporte un nouvel élément inattendu. Un pas de plus dans la recherche d'un ancêtre commun homme-chimpanzé. (Voir la suite page 15.)

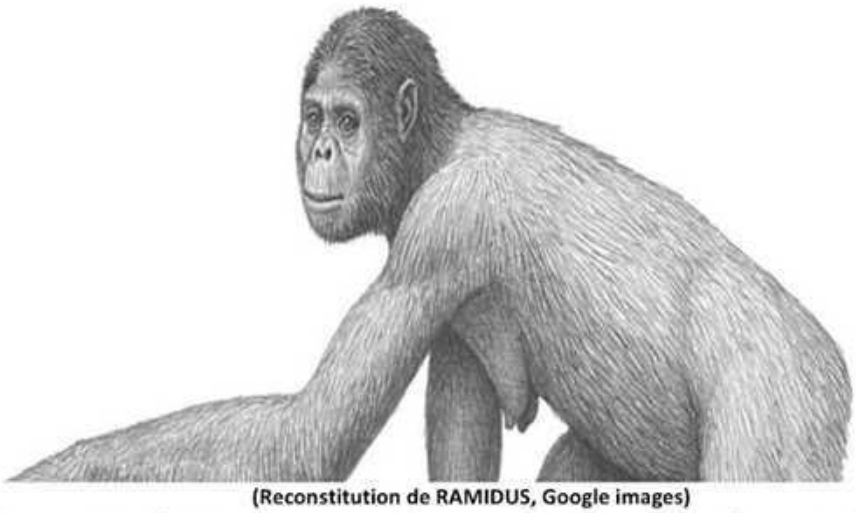
D'Afrique orientale (Kenya, collines de Tugen), Orrorin est âgé de 6 Ma. Sa taille est estimée à 1,20 m, et son poids à 30-45 kg. Surnommé *Homme du millénaire,* il a été découvert par l'équipe de Brigitte Senut et Martin Pickford du Muséum national d'histoire naturelle de Paris, en 2000. Orrorin est devenu momentanément le plus vieil ancêtre avant d'être détrôné par Toumaï l'année suivante.

Sa denture ressemble à celle des grands singes : incisives et canines développées, molaires petites. Son fémur atteste une bipédie ancienne; et ses membres supérieurs sont adaptés à la suspension.

À noter que nous ne verrons pas ici toutes les espèces d'hominidés, car il y en a de nombreuses. Nous nous intéresserons aux principales, ce qui sera suffisant pour notre étude. Il est impossible de donner une filiation linéaire indiscutable, car nous avons affaire à une évolution buissonnante chez nos ancêtres archaïques. Toutefois, quand nous arriverons au genre Homo, nous avancerons une filiation possible.

Par ailleurs, les scientifiques n'ont pas pu, à ce jour, établir les liens directs de Toumaï et d'Orrorin avec les hominidés plus récents comme ceux qui suivent, c'est-à-dire les ardipithèques et les australopithèques.

3 – ARDIPITHECUS RAMIDUS



(Reconstitution de RAMIDUS, Google images)

Appelez-moi Ardi. Pour la petite histoire, en langage Afar, «Ardi» exprime

l'idée de racine et de terre.

Découvert en 1992 par Tim White de l'Université de la Californie à Berkley, ses différents caractères sont à la fois proches des australopithèques et des grands singes. Il est donc à mi-chemin entre les deux espèces. Selon White, «ce n'est pas un chimpanzé, ce n'est pas un humain. Mais sa découverte nous montre bien d'où nous venons.»

Le crâne d'Ardi est l'équivalent de celui des chimpanzés actuels. Son bassin et ses mains montrent qu'il était bipède et qu'il pouvait grimper dans les arbres. Mais il ne pratiquait pas la marche sur les phalanges des mains, ni la suspension dans les arbres comme les grands singes.

Situé sur une lignée voisine des australopithèques, Ardi n'est pas un ancêtre direct de l'homme.

On peut soumettre que Toumaï, Orrorin et Ardi forment notre premier groupe d'ancêtres. Viennent ensuite les australopithèques et les paranthropes.

4 – LES AUSTRALOPITHÈQUES[8]

Ils sont nombreux; nous ne mentionnerons que les deux plus importants : Afarensis et Sediba. Pour connaître les autres, vous pouvez aller chez *wikipedia.org* ou encore chez *hominides.com.*

a) AUSTRALOPITHECUS AFARENSIS

Mieux connue sous le nom de *Lucy*, cette femelle est devenue célèbre.

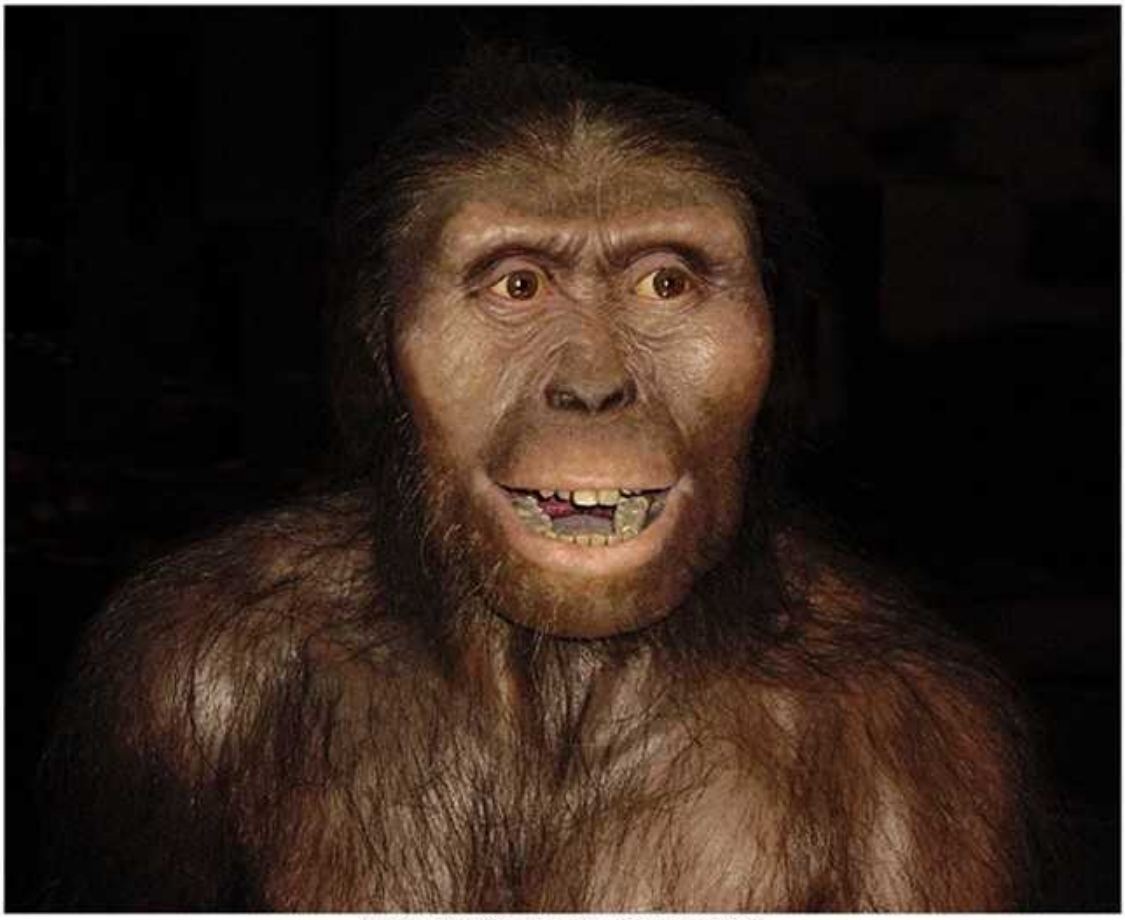
Une équipe dirigée par Yves Coppens l'a découverte dans l'Afar (Éthiopie), en 1974. Ce squelette, complet à 40%, d'australopithèque féminin fut très

[8] Australopithèque signifie «Singe du Sud».

médiatisé parce qu'à l'époque il détenait le record du plus vieil hominidé.

La morphologie du bassin et des fémurs traduit un comportement bipède. En effet, le bassin est court et évasé ce qui le rapproche plus de celui des hommes modernes que de celui des grands singes. Toutefois la bipédie de Lucy est plus chaloupée que celle de l'homme moderne.

D'un poids de 30-45 kg et d'une taille de 1,05-1,35 m, cette lignée vécut entre 4,1 et 2,9 Ma. On la retrouve également en Tanzanie et au Kenya.



(Reconstitution de LUCY: Google images)

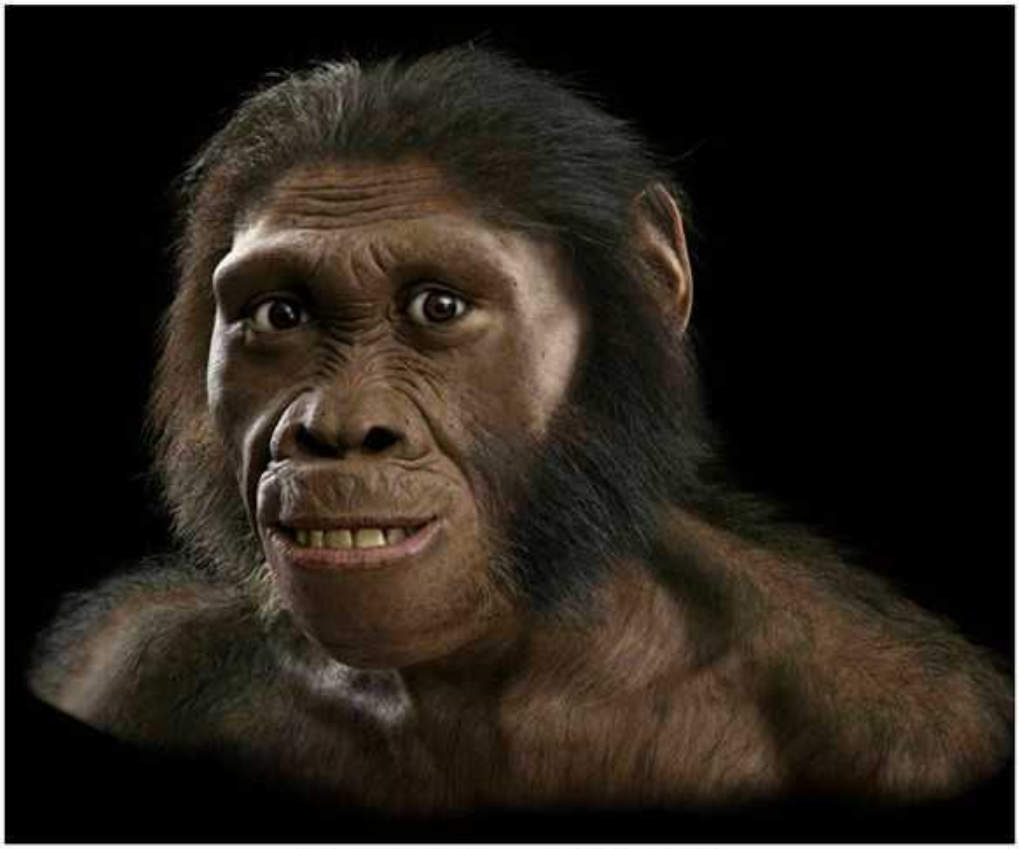
b) AUSTRALOPITHECUS SEDIBA

Plus jeune qu'Afarensis, Sediba a été découvert récemment (en 2008) dans la grotte de Malapa, près de Johannesburg en Afrique du Sud. Les fossiles

sont datés entre 1,95 et 1,78 Ma. Le professeur Lee Berger en est le découvreur.

Les deux squelettes en question appartenaient à une femelle adulte et à un enfant mâle d'une dizaine d'années. Sediba présente des caractéristiques proches des premiers représentants de la lignée Homo, mais également des australopithèques : des bras longs, de grandes jambes, un pelvis avancé, de petites dents et un nez projeté en avant.

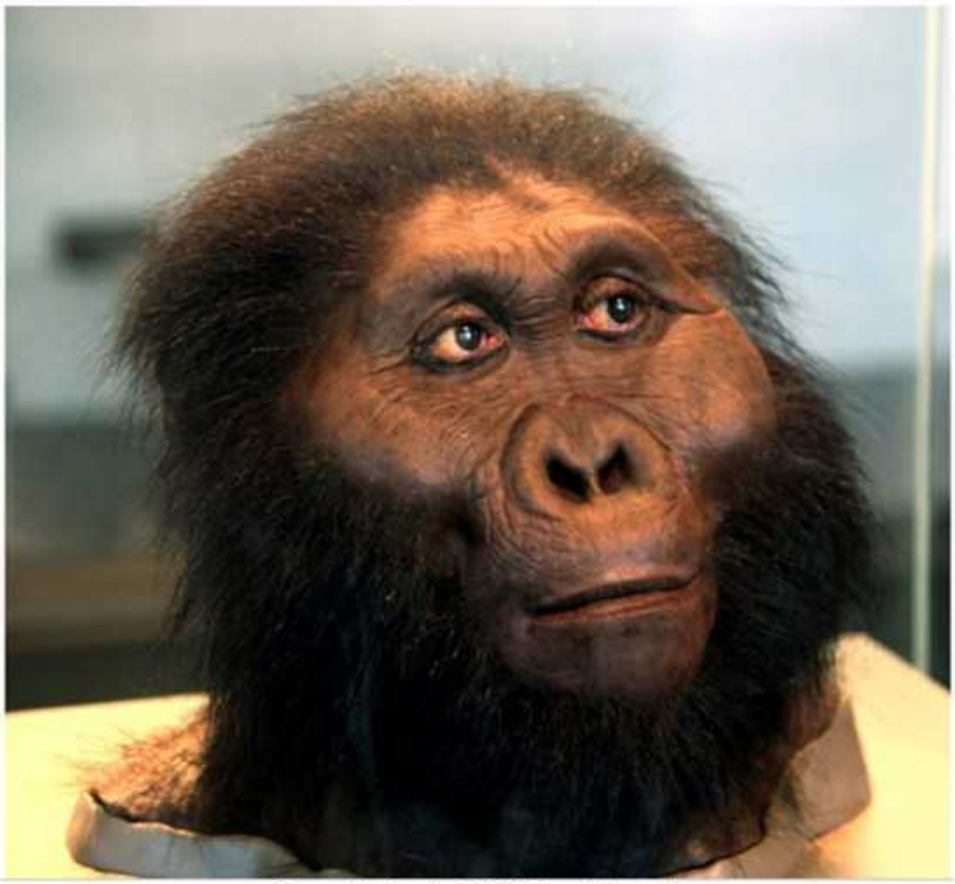
Par contre, sa petite capacité crânienne (420-450 cm3) est plus en rapport avec celle des australopithèques.



(Reconstitution de SEDIBA : Google images)

La femelle Sediba mesurait 1,27 m et pesait 33 kg. Vivant dans un milieu arboré, une étude montre que Sediba se nourrissait, au moins partiellement, de bois et d'écorce.

5 – PARANTHROPUS BOISEI



(Reconstitution de BOISEI, Google images)

Une lignée voisine de la branche Homo. Boisei était un contemporain d'Homo ergaster que nous rencontrerons plus loin.

Sa découverte, en 1959, par Mary et Louis Leakey, eut lieu à Olduvai en Tanzanie. Il existe peu de fossiles de cette espèce. Il était bipède, mais la forme de son pied indique qu'il était aussi arboricole.

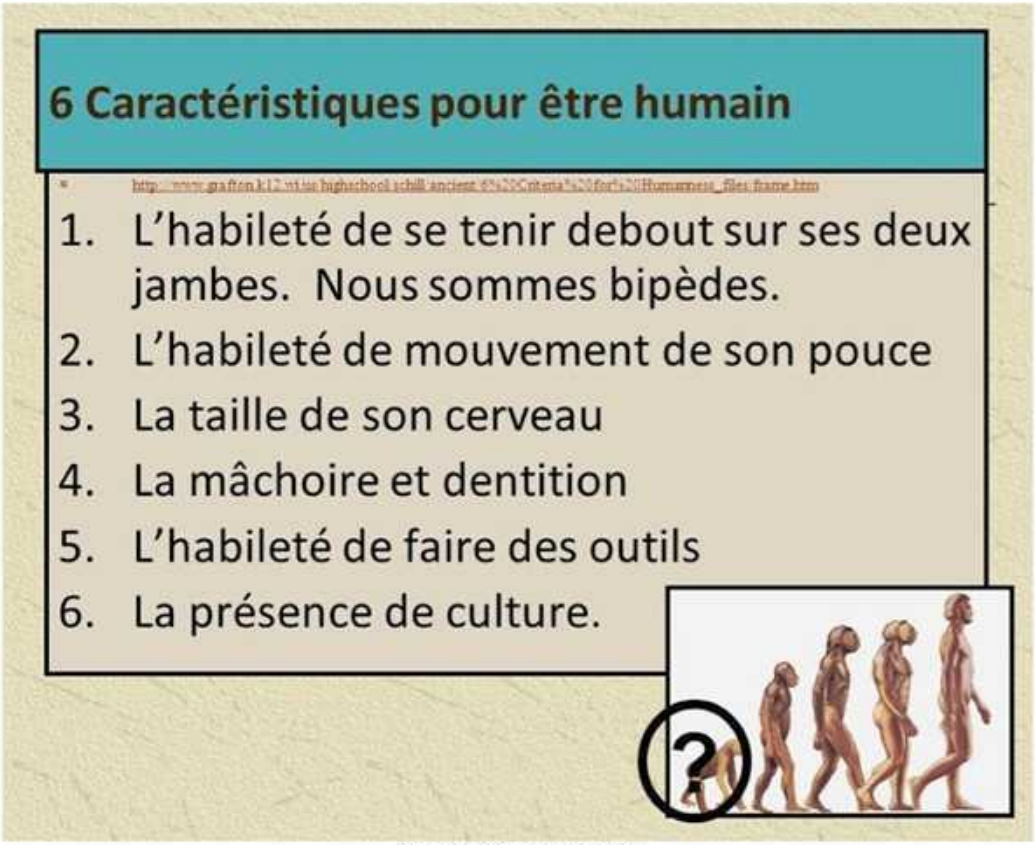
Certains scientifiques pensent que Boisei fut le premier à fabriquer des outils, avant même Homo habilis. Son énorme mâchoire et sa dentition lui avaient mérité le surnom *d'Homme casse-noisette*. Des études plus récentes montrent qu'au contraire il se nourrissait très peu de fruits à

coques ou de noix, mais plutôt d'herbes.

Sa taille s'apparente à celle du groupe Homo : 1,50 m pour le mâle, 1,20 m pour la femelle, un dimorphisme sexuel appréciable. Son poids : 55 kg pour le mâle, 30 kg pour la femelle.

Se termine ici cette première partie consacrée au groupe des humains très anciens.

Parmi tous les australopithèques, lesquels peuvent être considérés comme nos ancêtres directs? Les chercheurs sont incertains, mais quelques braves penchent pour Orrorin et Lucy. Nous y reviendrons dans le prochain volet.



(Source : Google images)

EN DERNIÈRE HEURE… le 22 mai 2017.

«Une nouvelle analyse bouleverse nos connaissances sur la naissance de l'humanité.»[9]

La divergence dans l'évolution entre les grands singes et les humains se serait produite plus tôt qu'estimé sur le continent européen et non pas en Afrique, selon une analyse de deux fossiles d'hominidés, datant de 7,2 millions d'années, mis au jour dans les Balkans.

Cette découverte, objet de deux études publiées le 21 mai 2017 dans la revue américaine *PLOS One*, vient étayer davantage la théorie selon laquelle la lignée humaine s'est séparée de celle des chimpanzés dans l'Est du bassin méditerranéen, et non pas sur le continent africain comme on le pense généralement.

Cette trouvaille affectera le statut de TOUMAÏ tel que présenté dans notre document. De quelle manière?

D'abord l'âge. D'environ 7 Ma, on passe à 7,2 Ma. Ce qui repousse de plusieurs milliers d'années l'âge de notre ancêtre commun avec les chimpanzés.

Ensuite le continent. De l'Afrique, on passe en Europe. Jusqu'ici tous les fossiles d'australopithèques connus provenaient d'Afrique.

Toutefois notre lignée humaine à partir du genre HOMO n'est pas modifié pour autant. Car, à ce jour, les paléontologues n'ont pu déterminer de quel homme archaïque nous descendons.

En définitive… Ce nouvel arrivant de 7,2 Ma disputera la place de l'aîné, Toumaï, mais n'affectera pas celle des autres membres de la famille.

Notre 2e volet, consacré au genre HOMO, demeure intact.

---

[9] www.Lelibre.be

(À jour le 23 mai 2017, par GL)

GILLES LONG

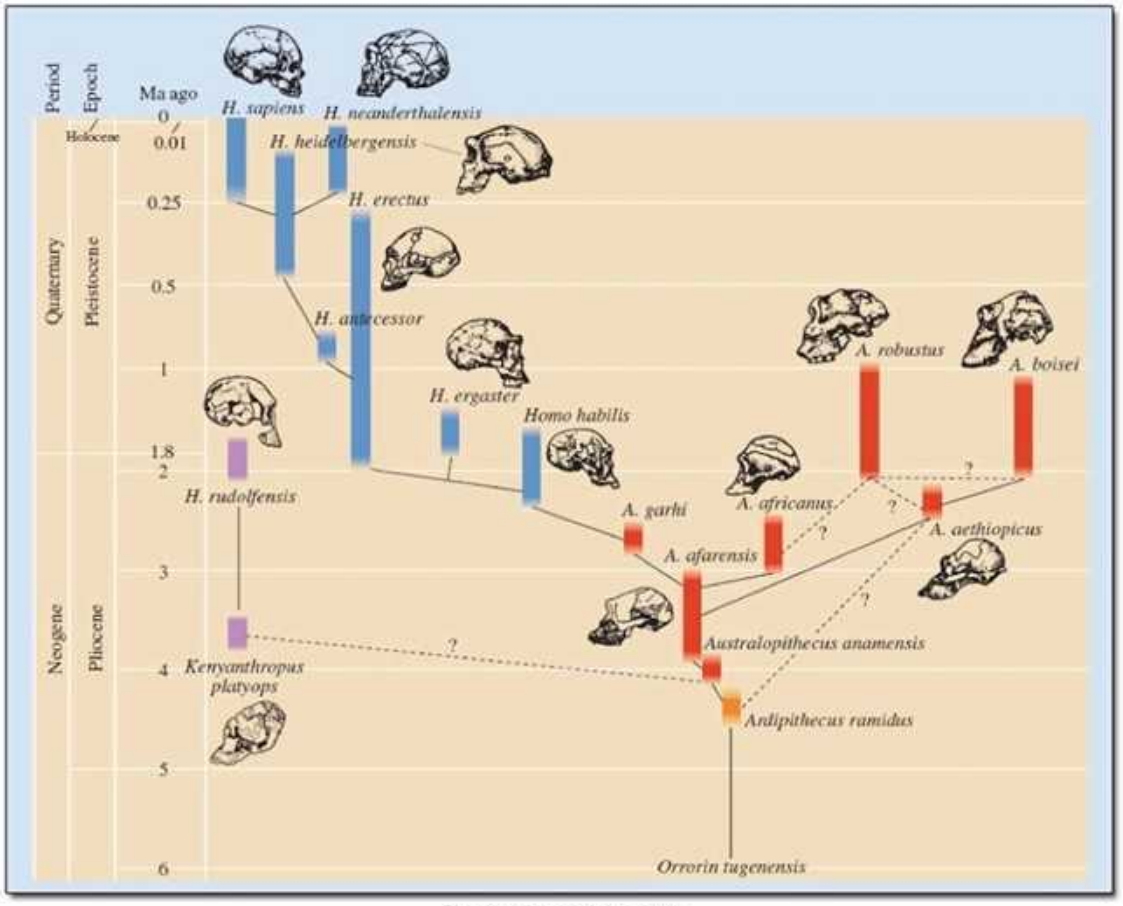
D'OÙ EST-CE QUE JE PROVIENS ?



-2-

LE GENRE HOMO

(2 800 000 à 200,000 BP)



(Source : Google images)

Ce deuxième volet nous amène en territoire mieux connu. Et il y a du monde ici. De nombreux ancêtres à présenter avant de nous rendre à Homo sapiens, l'homme moderne comme on l'appelle. Certains le nomment plutôt «l'homme actuel». Rectitude politique exige! À tout évènement, nous ne répéterons pas constamment le mot homo; nous simplifierons en n'employant généralement que Habilis, Sapiens etc…

1 - HOMO HABILIS

Pour Yves Coppens, l'homme commence vraiment avec Habilis. L'homme «habile» a été découvert en 1960 dans les gorges d'Olduvai par Jonathan Leakey, fils de Mary et Louis Leakey. Ces restes fossiles d'un jeune mâle sont âgés de 2,5 Ma.

La main est large, avec des doigts relativement longs qui présentent une courbure semblable à celle du chimpanzé.



De gauche à droite : un chimpanzé, un gorille, un babouin et 3 mains d'homme

Sa capacité crânienne de 360 cm3 serait extrapolée à 670 cm3, si cet individu avait été un adulte. Habilis maîtrisait parfaitement la bipédie permanente. Ses membres postérieurs courts n'en faisaient pas un aussi grand marcheur qu'Homo ergaster, apparu ultérieurement. Habilis mesure 1,20-1,50 m et pèse 30-40 kg.

Il est contemporain des industries de pierre taillée. Ces objets simples taillés généralement sur une seule face devaient lui permettre de découper des morceaux de viande ou casser des os.

Coppens pense même «qu'Habilis commence à utiliser un langage simple. Ils possède des traits osseux qui montrent un début de descente du larynx, créant ainsi une caisse de résonance, l'installation des cordes vocales et l'approfondissement du palais.»[10]

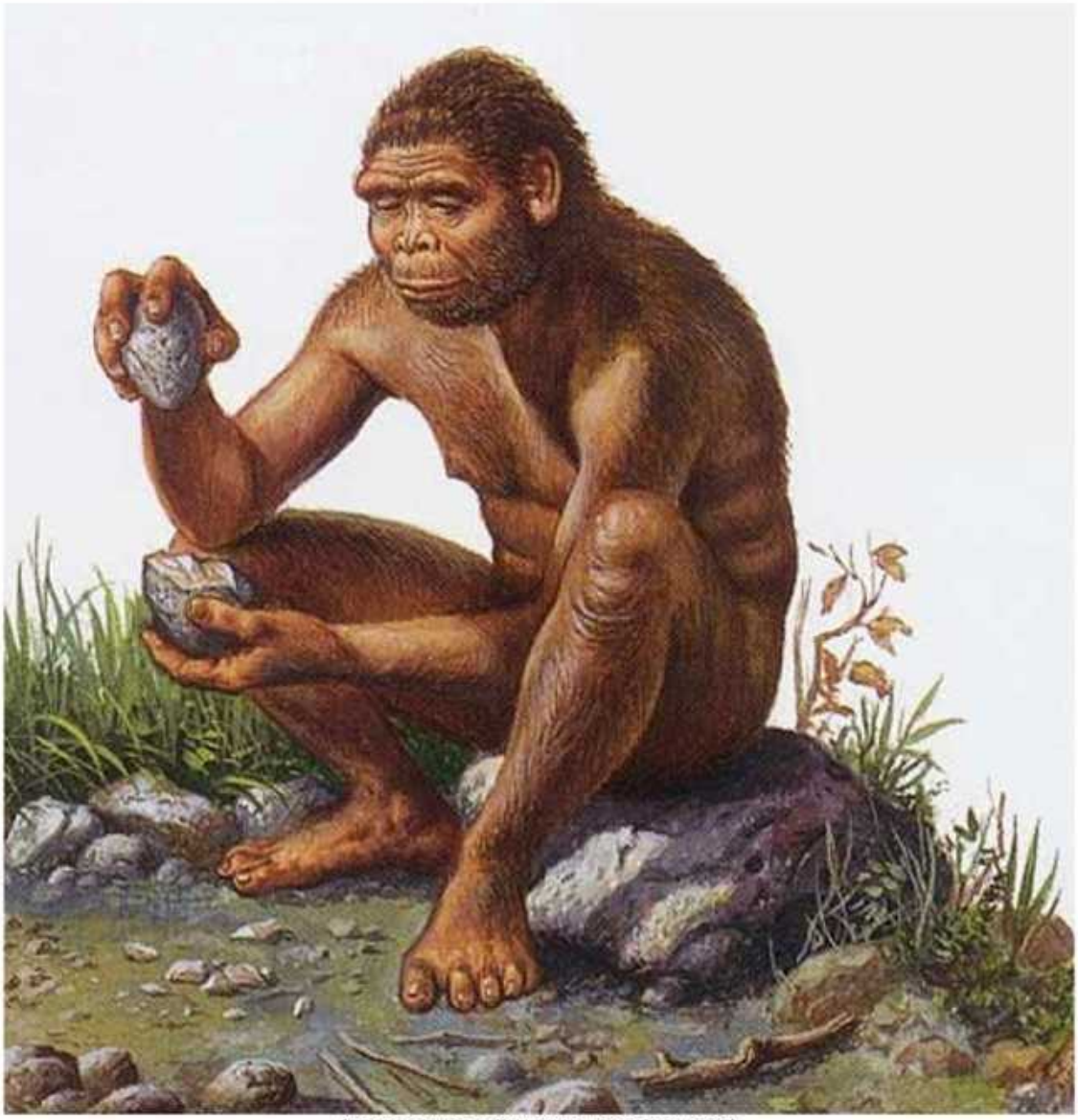
Habilis ne maîtrisait pas le feu. On lui attribue les premiers habitats. Des campements rudimentaires ont été trouvés dans la gorge d'Olduvai. Vivant en petits groupes, cela demandait un minimum d'organisation sociale.

Cet homme avait ses habitudes. D'après les études, les mêmes sites étaient occupés 10 à 15 ans par les mêmes groupes. Habilis vit nu.

[10] LE POINT, 19 juillet 2012, page 46.

Il n'était pas un nomade, mais il parcourait de longues distances pour trouver les pierres idéales pour la fabrication de ses outils.

Omnivore, il avait un menu varié : végétaux, fruits, viande prélevée sur des animaux morts.»[11] Il ne s'adonnait pas à la chasse. Présente en Afrique orientale et australe depuis 2,5 Ma, cette lignée s'est éteinte vers 1,4-1,6 Ma.



(Reconstitution d'HABILIS : Google images)

[11] Référence : dinosoria.com/homohabilis.htm

2 – HOMO ERGASTER

Il faut accorder une attention particulière à Ergaster, car il pourrait bien être notre ancêtre en ligne directe.

Le squelette presque complet de «l'homme artisan» est l'aboutissement des recherches de Richard Leakey dans les années 1970 et 1980.

Certains scientifiques soutiennent qu'il est un Homo erectus africain.



Reconstitution d'ERGASTER : Google images)

Mais l'hypothèse la plus communément admise aujourd'hui, veut qu'Ergaster soit plutôt l'ancêtre d'Homo erectus et d'Homo antecessor, deux homininés que nous rencontrerons bientôt.

Originaire du Kenya, il existe plusieurs fossiles d'Ergaster. Il pèse 50-65 kg et mesure 1,55 à 1,70 m. Le volume de son cerveau fait 850 cm3.

«Il nous ressemble beaucoup. Il court, s'approprie le feu et invente le biface. Il n'a plus besoin d'arbre pour vivre. Longtemps on a cru qu'il fut le premier à conquérir le monde, mais il semble qu'il soit resté en Afrique et dans sa proche banlieue.»[12] Il est quand même sortie d'Afrique pour se rendre sur les franges méridionales de l'Eurasie, ainsi qu'en Europe du Sud.

Alors qu'Yves Coppens favorise Habilis pour le titre de premier homme, Pascal Picq, paléoanthropologue et maître de conférences au Collège de France, penche plutôt pour Ergaster.

«Ergaster est le premier homme incontestable, par son anatomie, sa taille et son écologie», au dire de Picq. En tout cas, par sa bipédie très évoluée, il est capable de courir. Par sa taille, Ergaster est le premier homme à s'affranchir de toute dépendance envers les arbres. Il a créé de nouveaux modes de vie comme en témoigne ses aptitudes au langage, à l'usage du feu, à l'utilisation de colorants ou encore à la fabrication d'outils décorés, comme les bifaces.»[13]

Cette lignée a vécu de 2 à 1 Ma BP. On la rencontrait en Afrique et en Europe.

3 – HOMO ERECTUS

L'homme droit (dressé, debout) fut le premier homme à partir à la conquête du monde, voilà de cela 1,8 Ma. Originaire d'Afrique, cette lignée s'étendra à l'Asie et à l'Europe. Il existe de nombreux fossiles d'Erectus en Asie, comme le montre la carte.

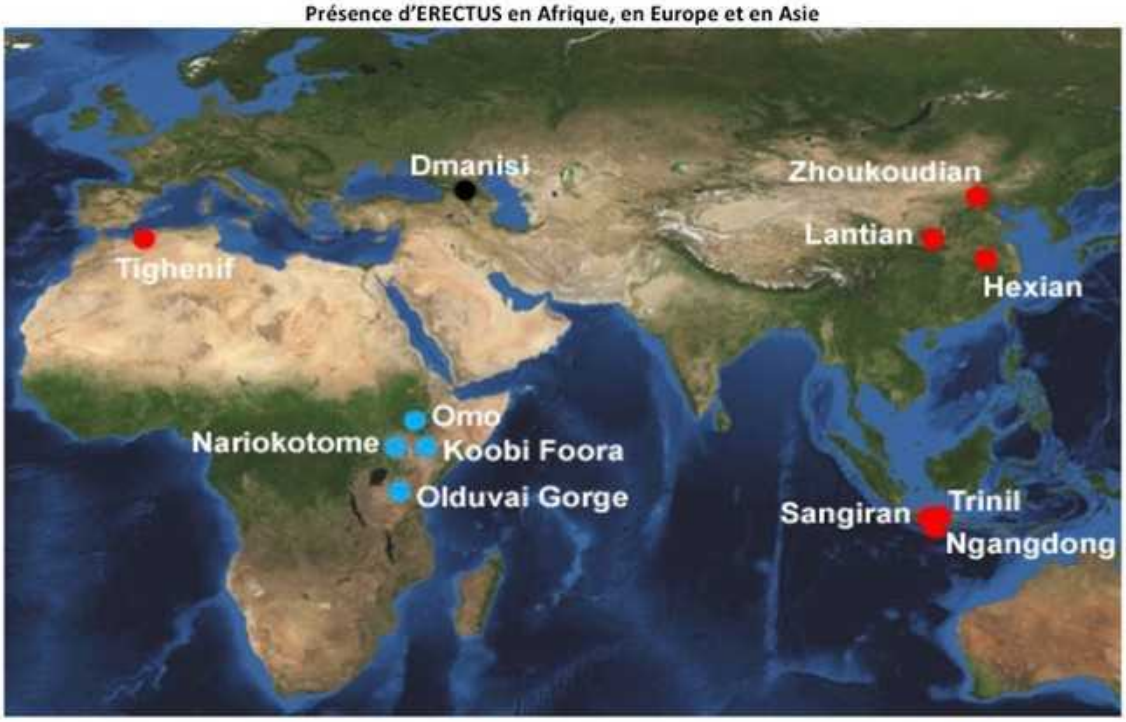
C'est un petit costaud aux os épais, il parle, vit en campement, chasse et pratique la cueillette. Comme il maîtrise le feu, il peut cuire ses aliments. Ses outils sont plus performants : le biface en silex, des racloirs et des grattoirs.

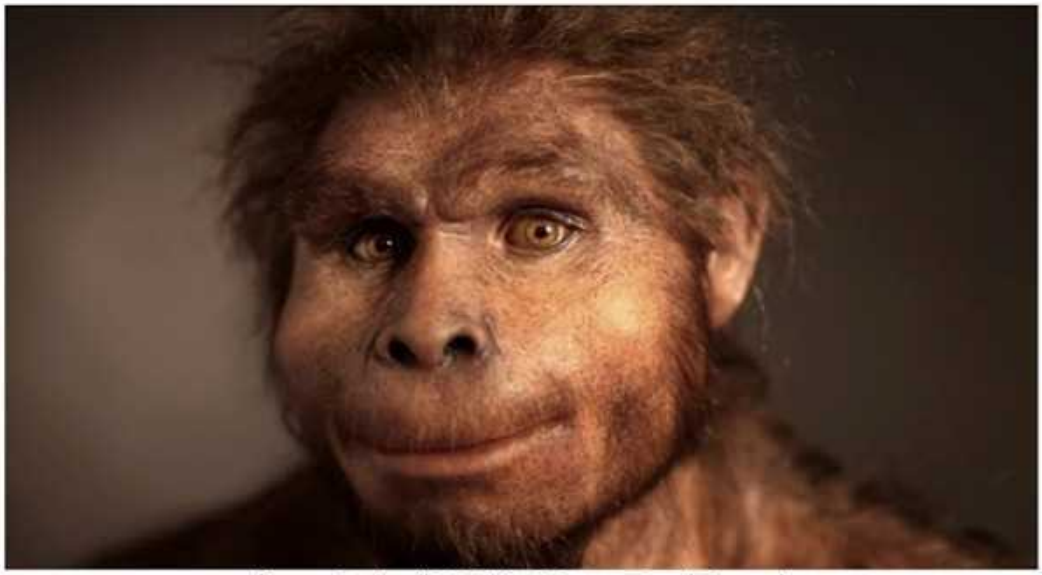
---

[12] LE POINT, 19 juillet 2012, page 35.
[13] Id., page 47.

Son exploit le plus remarquable c'est d'avoir été le premier homme à migrer hors d'Afrique. Ce n'était pas des exodes de masse, mais plutôt des petits groupes de chasseurs qui partent vers le Nord, probablement en suivant des troupeaux d'animaux.

Présence d'ERECTUS en Afrique, en Europe et en Asie





(Reconstitution d'ERECTUS : E. Daynes, Google images)

Une taille de 1,55-1,65 m, sur un poids de 45-55 kg, une capacité crânienne qui dépasse les 1000 cm3, Erectus vivait dans les savanes et les forêts.

Un Erectus célèbre : l'homme de Tautavel, dans les Pyrénées.

À tenir en mémoire… Homo Erectus n'est pas notre ancêtre. Nous en avons parlé ici parce qu'il fut l'auteur de la première grande sortie d'Afrique voilà 1,8 Ma : cet Erectus se nommait Homo Georgicus (Dmanisi, en Géorgie).

Revenons sur nos pas avec Homo antecessor, qui, selon la plupart des scientifiques, est fort probablement de notre lignée, après Habilis et Ergaster. Comme vous le savez déjà, il est bien difficile de trouver une filiation linéaire parmi une espèce aussi buissonnante que le genre HOMO.

4 – HOMO ANTECESSOR

En voici un qui porte à controverse. Il fut découvert par Louis Leakey en 1932, près du lac Victoria, au Kenya. Leakey le data d'environ 1 Ma. Louis Leakey mourut en 1972 croyant que sa trouvaille était toujours en Afrique.

En 1994, une équipe de l'Université de Madrid découvre un fossile de ses restes en Espagne, dans la Sierra d'Atapuerca. Ce fossile fut daté de 800 000 BP. Six squelettes furent excavés. Parmi eux, des fragments d'un adolescent de 12-13 ans et d'un enfant de 3-4 ans.

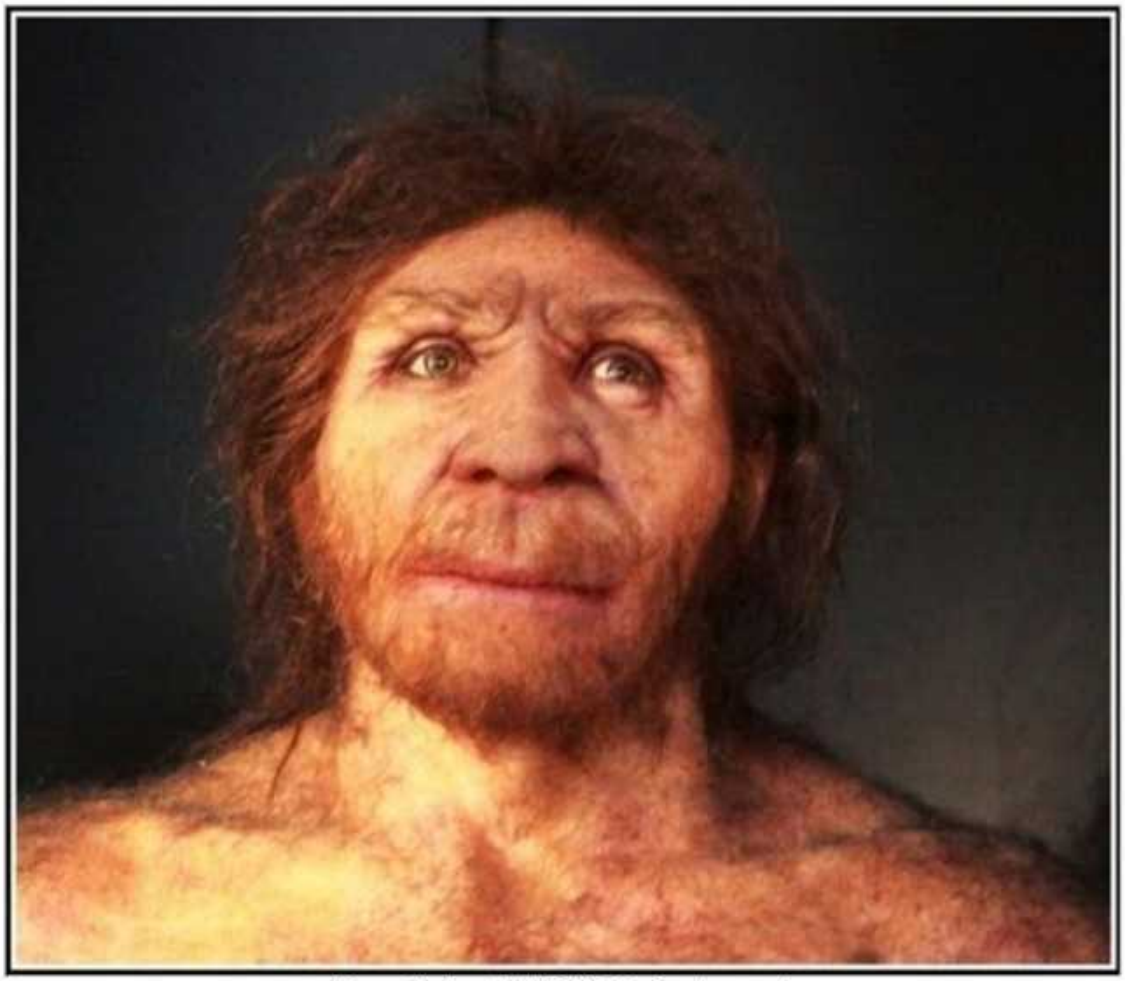
On appela cet hominine Homo antecessor, c'est-à-dire «exploreur, ou encore pionnier». Ces vestiges âgés de 1,2 à 0,8 Ma constituent la plus ancienne trace humaine en Europe méridionale.

Des ossements d'Antecessor présentaient des traces non équivoques de cannibalisme. Les victimes étaient majoritairement des enfants. Certains chercheurs avancent que ce comportement pourrait être semblable à celui des chimpanzés. Lorsque des femelles avec de jeunes chimpanzés s'approchent trop près des limites d'un territoire, les mâles du territoire voisin s'emparent des jeunes, les tuent et les mangent, en guise de représailles. Une pratique du même genre chez Antecessor? À démontrer.

Antecessor est un colosse mesurant entre 1,60 et 1,80 m et pesant autour de 90 kg.

Il a beaucoup voyagé, si l'on peut dire. On retrouve ses traces en France, en Angleterre et en Italie, en plus du Kenya. Une découverte encore plus surprenante, le lointain Homme de Denisova qu'on croyait lié à Homo neandertalensis, le serait plutôt à Homo antecessor.

Ses caractéristiques sont telles qu'il pourrait bien être un ancêtre en ligne directe d'Homo heidelbergensis et d'Homo sapiens.



(Reconstitution d'ANTECESSOR : Google mages)

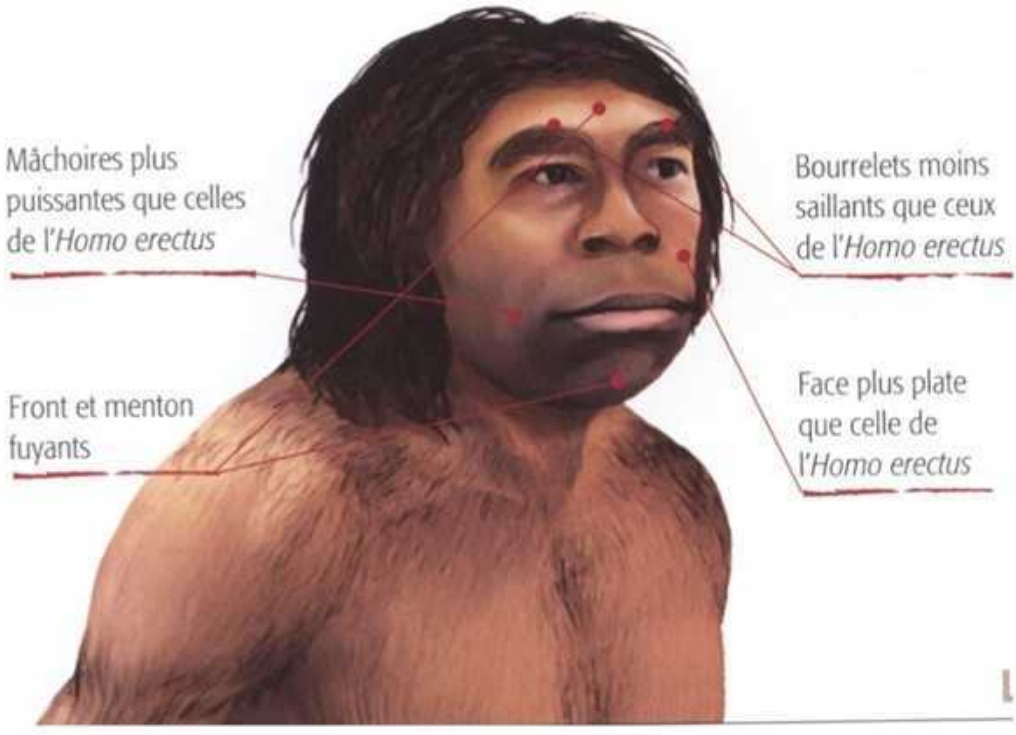
La lignée d'Antecessor s'est éteinte vers 700-800 000 ans BP.

4 – HOMO HEIDELBERGENSIS

Cette espèce nouvelle fut découverte près d'Heidelberg (Allemagne), en 1907, et décrite par Otto Schoetensack.

Cette espèce provient d'Afrique où elle est apparue vers 0,7 Ma BP. On a trouvé un grand nombre de ses fossiles en Éthiopie, en Namibie et en Afrique du Sud. Entre 300 000 et 400 000 BP un groupe a migré vers l'Europe et le Proche-Orient. Leurs sites archéologiques existent en France, en Espagne, en Italie, en Angleterre, en Allemagne, en Hongrie et en Grèce.

Les Néandertaliens, les Dinoviens et les Hommes modernes sont tous considérés, par plusieurs paléontologues, comme des descendants d'Homo Heidelbergensis.



(Reconstitution d'HEIDELBERGENSIS : csdm.qc.ca)

Descendant d'Homo ergaster, Heidelberg possède une morphologie proche

de celle de l'homme moderne. Sa capacité crânienne va de 1100 à 1400 cm3, ce qui le classe sans conteste dans la lignée Homo.

Comme son ancêtre Antecessor, il est musclé et son visage est plus plat que celui de ses prédécesseurs. Des arcades sourcilières moins fortes, une mâchoire moins allongée, mais plus robuste que chez Sapiens. Une silhouette plus élancée également. Le mâle mesurait environ 1,80 m et pouvait peser jusqu'à 90 kg. [14]

Heidelberg est un nomade qui habite dans des cavernes. Il chasse le gros gibier, comme le cheval ou le rhinocéros. Il s'alimente de viande cuite ainsi que de fruits sauvages, de noix. Possibilité de cannibalisme chez lui aussi.

Il possédait déjà les rudiments d'un langage simple.

Présente en Afrique, en Europe et au Moyen-Orient, cette lignée s'est éteinte vers 200 000 BP.

5 – HOMO NEANDERTHALENSIS

Tout le monde le connaît. On peut en parler non pas comme d'un ancêtre, mais d'un cousin très proche. Il descend très certainement d'Homo heidelbergensis. Tout comme Homo sapiens.

Les premières découvertes de ses fossiles remontent à 1833 et 1848. Le fossile qui fut le plus médiatisé a été trouvé, en 1856, dans la vallée (*tal* en allemand) de Neander, en Allemagne, trois ans avant la publication de «L'origine des espèces» de Charles Darwin.

Certains anthropologues de l'époque soutinrent qu'il s'agissait d'une nouvelle race sauvage proche du singe. D'autres proposaient que c'était plutôt un humain atteint de graves pathologies.[15]

---

[14] Référence : csdm.qc.ca/homoheidelbergensis.
[15] Référence : astrosurf.com/luxorion.

Ce n'est qu'en 1871 que Darwin élargit sa théorie de l'évolution pour y incorporer la filiation de l'homme et de l'ancêtre du singe.

Mais la réputation de l'homme de Néandertal ne s'améliora pas au fil des années. En 1911, on le représentait encore comme une espèce plus proche du singe que de l'homme. Les préjugés ont la vie dure.

En fait, la morphologie de Néandertal est semblable à celle de l'homme moderne. Plus trapu, sa cage thoracique est évasée. L'avant-bras est de même taille que le bras, les membres inférieurs sont plus courts.[16]

Son régime alimentaire est à base de viande. Il mangeait aussi des coquillages, des mollusques, des végétaux et des petits mammifères.



(Reconstitution de NÉANDERTAL : BBC, Google images)

Comme nous venons juste de le souligner, les Néandertaliens sont de corpulence souvent très massive et robuste : 90 kg et 1,65 m en moyenne pour les hommes ; 70 kg et 1,55 cm pour les femmes.

[16] Référence : hominides.com.

Front fuyant, absence de menton. Cerveau plus volumineux que celui de Sapiens (1500-1700 cm3). Molaires de dimensions réduites comme chez Sapiens. Orbites hautes et arrondies, nez avancé, pommettes en retrait, présence de cheveux roux.[17]

On a cru, pour un temps, que Néandertal était une sous-espèce de Sapiens. On rencontre encore dans la littérature les expressions Homo sapiens sapiens et Homo sapiens neanderthalensis parce qu'on les pensait de la même espèce. Cette appellation a été abandonnée en 2003. Il faut maintenant dire : Homo sapiens, Homo neanderthalensis.

Néandertal est apparu en Europe vers 400 000 BP. Comme déjà mentionné, il est un descendant en ligne directe d'Homo heidelbergensis. Néandertal vient d'Europe, contrairement à Sapiens qui vient d'Afrique.

TERRITOIRE HABITÉ PAR NÉANDERTAL



(Source : Google images)

Néandertal a occupé un très large territoire, cohabitant avec Sapiens pendant environ 40 000 ans. Assez proche, en tout cas, pour l'établissement de métissages entre les deux espèces. À preuve, le génome humain non africain compte de 1 à 4-6% de gènes néandertaliens.[18]

[17] Référence : Wikipedia, *Homo Neanderthalensis*.
[18] Les tests d'ADN sont en mesure d'en préciser le pourcentage.

Néandertal enterrait ses morts. On l'a souvent fait passer, à tort, pour une brute. Une réputation qu'il ne mérite pas. Tous les chercheurs en conviennent aujourd'hui. Il vivait dans des grottes et sous des abris rocheux. Il pouvait construire des huttes avec des os de mammouths. Il s'alimentait de viandes cuites et de fruits sauvages.

Néandertal savait fabriquer des outils variés et efficaces : haches, lances, couteaux, racloirs.

Pour une raison obscure, il s'est éteint entre 40 000 et 28 000 BP. Ses derniers représentants habitaient le sud de l'Espagne. Luttes tribales? Catastrophe climatique? Les théoriciens ne s'entendent pas.



(Reconstitution: FAMILLE NÉANDERTALIENNE, Google images)

À propos de Néandertal, Il y aurait tellement plus à dire.[19]

Pendant longtemps on a cru qu'il était notre ancêtre. Ce n'est pas le cas. Dernièrement, on a découvert que le métissage Néandertal-Sapiens remontait aussi loin que 100 000 BP. Nous reviendrons sur cette question de croisement, dans notre volet suivant consacré à Homo sapiens.[20]

---

[19] Pour en savoir davantage, voir astrosurf.com/luxorion.

[20] Un test ADN me certifie que je suis «néandertalien» à 2%. Dans la moyenne.

Une autre recherche récente, publiée dans *Nature*, avance même «que Néandertal aurait atteint le continent américain 130 000 ans passés ? Un os de mastodonte, soi-disant brisé par un percuteur humain, a été trouvé dans un site paléontologique du comté de San Diego, en Californie.» Enquête controversée, car on n'a pas encore trouvé de fossile humain à cet endroit; ce qui permettrait d'authentifier la découverte. Surprenante trouvaille, pour dire le moins.

Car la présence avérée de Sapiens en Amérique n'est que de 24 000 ans BP, selon une recherche toute fraîche d'une équipe de l'Université de Montréal. On rencontre encore des cartes désuètes qui affichent 12 000 à 20 000 BP. Il faut dire que les datations de fossiles sont souvent à entretenir avec précaution. Un autre exemple. Homo floresiensis (le Hobbit) qu'on croyait éteint depuis 12 000 à 17 000 ans, est plutôt disparu voilà 50 000 ans

6 – HOMO RHODESIENSIS



(Reconstitution de RHODESIENSIS : Google images)

GILLES LONG

D'OÙ EST-CE QUE JE PROVIENS ?



(RECONSTITUTION : FEMME HOMO SAPIENS)

-3-

HOMO SAPIENS

(200-300 000 BP à aujourd'hui)



(Source : Google images)

Homo sapiens (sage, savant) est âgé de 200 000 ans. Ses plus vieux fossiles ont été trouvés à Omo Kibish, en Éthiopie, il y a exactement 195 000 ans BP. Nous sommes en plein dans la vallée du Rift africain, berceau de l'humanité.

Aux deux crânes découverts en 1967, on a attribué les noms d'Omo 1 et 2.Comme le présent travail a pour objectif de préciser l'odyssée de nos ancêtres depuis leur apparition en Afrique jusqu'à aujourd'hui, nous ne donnerons pas une description détaillée des caractéristiques d'Homo sapiens.[22]

[22] Pour en savoir plus, allez chez Wikipedia.org : *Homo sapiens*.

Qu'il suffise de rappeler qu'Homo sapiens descend d'Homo rhodesiensis et que son premier représentant fut Homo sapiens idaltu.



(Reconstitution d'un Sapiens ancien : Google images)

«Homo sapiens, dont le physique n'a à peu près pas changé depuis 200 000 ans, se distingue de ses ancêtres archaïques par l'arrondissement de la partie arrière du crâne, un menton saillant et l'absence de bourrelet orbitaire.

Sa cognition élevée, sa capacité de coopération entre individus non apparentés, ses grandes qualités d'adaptation expliqueraient pourquoi, de toutes les espèces ayant habité la planète Terre, Sapiens est la seule à avoir survécu.

Pour certains, cela tiendrait à son gros cerveau, pour d'autres aux innovations techniques, comme les armes de jet, pour d'autres encore au climat qui aurait affaibli les espèces humaines concurrentes. Cependant, étant donné l'amplitude spectaculaire de l'expansion d'Homo sapiens, aucune de ces théories n'est satisfaisante pour décrire la globalité de cet événement complexe.»[23]

[23] POUR LA SCIENCE, *Évolution, la saga de l'humanité*, no 94, janvier-mars 2017.

Les théories scientifiques se sont d'abord centrées sur l'évolution de la taille du cerveau de l'être humain (théorie du singe au gros cerveau). Mais la découverte de la bipédie chez les hommes archaïques de faible volume cérébral ont infirmé cet avancé, car la bipédie est plus ancienne que l'expansion dudit volume cérébral. Vous vous souvenez, même Toumaï affichait un début de bipédie.[24]

1 – QUELQUES EXEMPLES DE VARIABILITÉ CHEZ SAPIENS[25]

Non seulement Sapiens marche, mais il court. De manière occasionnelle, il peut grimper, ramper, sauter, nager… Les aptitudes physiques de l'être humain présentent un dimorphisme sexuel marqué. La puissance musculaire et l'endurance des femmes étant inférieures à celles des hommes.

Les capacités cognitives de Sapiens présenteraient , selon certains auteurs, un certain dimorphisme sexuel : les femmes seraient, en moyenne, plus aptes à maîtriser les subtilités du langage et auraient plus d'adresse manuelle, alors que les hommes seraient plus performants en matière d'orientation dans l'espace et de raisonnement logique.

Les capacités cognitives de l'être humain lui permettent d'avoir conscience de lui-même. Il peut rire, pleurer, chanter. Il est également capable de comportements sociétaux complexes et hiérarchisés. Il se démarque par ses aptitudes culturelles, son langage, son écriture, ses croyances, ses rites.

Même s'il existe des exceptions, Homo sapiens possède une très forte tendance monogame. Il s'agit là d'un caractère distinguant Sapiens des autres hominidés.

Une étude, publiée en 2008 dans la revue *Science*, réalisée sur l'ADN de près d'un millier d'individus appartenant à 51 ethnies a montré que le génome des humains est identique à 99,9%, soit une similitude qu'on ne retrouve chez aucune autre espèce. Elle est explicable par l'extrême

[24] Référence : memo.fr. Cette page a été retirée depuis.
[25] Idem 3

jeunesse de l'espèce humaine, 60 000 ans n'étant pas suffisants pour permettre des grandes variations génétiques. Cette étude apporte donc la confirmation qu'il n'y a pas plus égaux entre eux, parmi les mammifères, que les Homo sapiens.

Il est bon de se rappeler qu'Homo sapiens se caractérise par les éléments suivants :

- expansion de la boîte crânienne et du volume du cerveau (1400 cm3), i.e. plus de deux fois celui des chimpanzés ou des gorilles;
- diminution de la taille des canines;
- bipédie, l'aptitude à courir est plus significative que l'aptitude à marcher;
- descente du larynx, ce qui permet le langage articulé.

La couleur de la peau humaine présente une grande variété, liée à la présence plus ou moins abondante d'un même pigment, la mélanine. Les couleurs les plus sombres correspondent aux populations originaires de la zone intertropicale. Elles constituent une adaptation génétique à une insolation importante. En règle générale, plus on monte vers les pays nordiques, plus le teint s'éclaircit. Il y a aussi deux gènes en cause.

Parmi les autres primates, la pilosité est beaucoup moins importance : celle de Sapiens est essentiellement limitée à certaines parties du corps, notamment le cuir chevelu, les aisselles, et le pubis. La femme montre une pilosité moins abondante sur le corps, à l'exception notable du cuir chevelu. L'humain porte généralement des vêtements, recouvrant presque toujours au moins les parties génitales. Cet usage de vêtements ou de peaux d'animaux pour dissimuler les parties génitales est très ancien.

Sapiens est le seul à avoir conquis le monde. Certains scientifiques le qualifient d'envahisseur, non sans raison. Il y avait d'autres représentants du genre Homo au temps de Sapiens. Par exemple, lui et Néandertal se sont partagés des territoires durant plus de 40 000 ans. Toutes les autres espèces ont fini par lui laisser la place. Pourquoi? Les savants se pourfendent en théories diverses. Épidémies? Génocide? Confits tribaux? Catastrophe climatique?

2 - UNE 1re CATASTROPHE ÉVITÉE (195 000 à 120 000 BP)

Depuis la nuit des temps, les êtres humains sont à la remorque du climat. En voici deux exemples patents.

Avant de parler de la sortie d'Afrique de Sapiens, il convient de nous attarder au jour où l'humanité a failli disparaitre. Ce jour dura 70 000 ans.

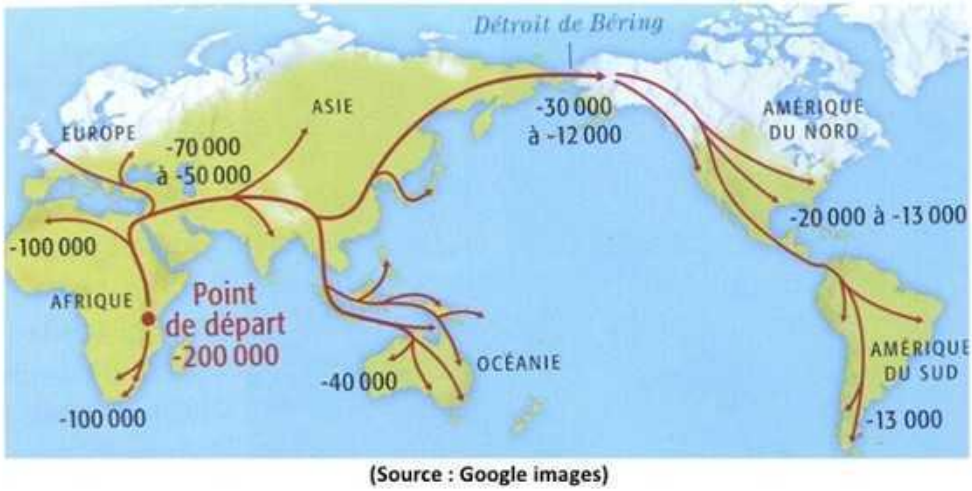
À compter de 195 00 ans BP, Sapiens affronta une période glaciaire.

«Pendant cette phase très froide, et par conséquent, très sèche, les déserts africains devaient être plus étendus qu'aujourd'hui et une grande partie du continent était sans doute inhabitable.

Or, pendant que la planète était sous les glaces, notre espèce serait passé par un goulot d'étranglement génétique. Le nombre de reproducteurs de l'espèce Homo sapiens serait passé de 10 000 à quelques centaines. Les chiffres varient selon les études, mais la plupart suggèrent que nous descendons d'une TOUTE PETITE POPULATION qui vivait en Afrique.

La côte sud de l'Afrique, avec une végétation offrant des plantes comestibles et des coquillages, servit d'oasis.

CARTE MIGRATOIRE SIMPLIFIÉE[26]



(Source : Google images)

[26] Calottes glaciaires : 100 000 BP. (Il ne faisait pas chaud au Canada!)

L'enjeu est important, car l'histoire de ces hommes modernes qui ont survécu à la grande glaciation, puis ont conquis l'Afrique et le monde, est la nôtre».[27]

3 – UNE 2E CATASTROPHE ÉVITÉE (73 000 BP)

L'éruption du mont Toba à Sumatra, en Indonésie. Non seulement un autre refroidissement progressif qui ira de 75 000 à 45 000 ans BP s'installe, voilà que se produit en Asie l'éruption surprise d'un supervolcan. Les conséquences entraîneront à nouveau la presque disparition de l'humanité. Un autre sérieux goulot d'étranglement de la population.

MONT TOBA



(Spource : Google images)

Les scientifiques estiment que cette éruption faisait 10 000 fois la force de l'éruption du mont St. Helens, soit environ 67 000 fois la bombe d'Hiroshima. Conséquence : un hiver volcanique global, planétaire.

---

[27] MOREAN, Curtis, dans *La saga de l'humanité*, Pour la science, no 94, mars 2017, page 78 à 83.

«Les simulations de la NASA ont montré que dans les mois qui suivirent l'éruption, la température globale moyenne chuta brutalement de 3 à 5 degrés Celsius, et même de 10 à 20 degrés au bout de 5 ans, avec des hivers se prolongeant durant 10 ans.

Cette catastrophe climatique aurait détruit toutes les récoltes, la majorité des animaux seraient morts de froid et par voie de conséquence, elle aurait précipité la disparition de la quasi-totalité des espèces humaines, à l'exception d'environ 2 000 individus. On peut considérer que nous sommes issus d'une même famille d'Homo sapiens. C'est ce que démontre l'histoire de l'ADN mitochondrial, i.e. la génétique matrilinéaire.»[28]

Parmi ces 2 000 individus se trouvaient les représentants européens de Sapiens, les Cro-Magnons. On l'a encore échappé par un poil!

Ces goulots d'étranglement, auxquels nous venons de faire allusion, ont eu pour effet d'uniformiser le patrimoine génétique actuel. Si bien que toute la population mondiale descend d'un seul individu, que nous sommes sur le point de rencontrer.

4 – LES MIGRATIONS D'HOMO SAPIENS

De 200 000 à 100 000 BP, Sapiens vit à l'intérieur du continent africain. Mais il en sort timidement. On trouve de ses fossiles à Qafzeh et Shkul, en Israël/Palestine, datés de 90 000-120 000 BP; une première tentative de sortie d'Afrique de Sapiens.

La deuxième grande vague migratoire, après la première sortie d'Homo erectus en 1,8 Ma BP, commence vers 60 000 BP. C'est récent en termes paléontologiques. Cette vague est la nôtre.

Pour bien comprendre de quoi il en retourne, il faut avoir recours à la génétique des populations. Nous le ferons de la façon la moins compliquée possible.

---

[28] Référence : astrosurf.com/luxorion.



(Source : Google images)

5 – LA GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS

Pour le moment, il suffit de savoir que ce sont les mutations génétiques, i.e. des erreurs de copie de l'ADN, qui déterminent que l'arbre généalogique de l'être humain est composé de branches, appelées haplogroupes. Chaque individu fait partie d'un haplogroupe, d'une branche de l'arbre universel.

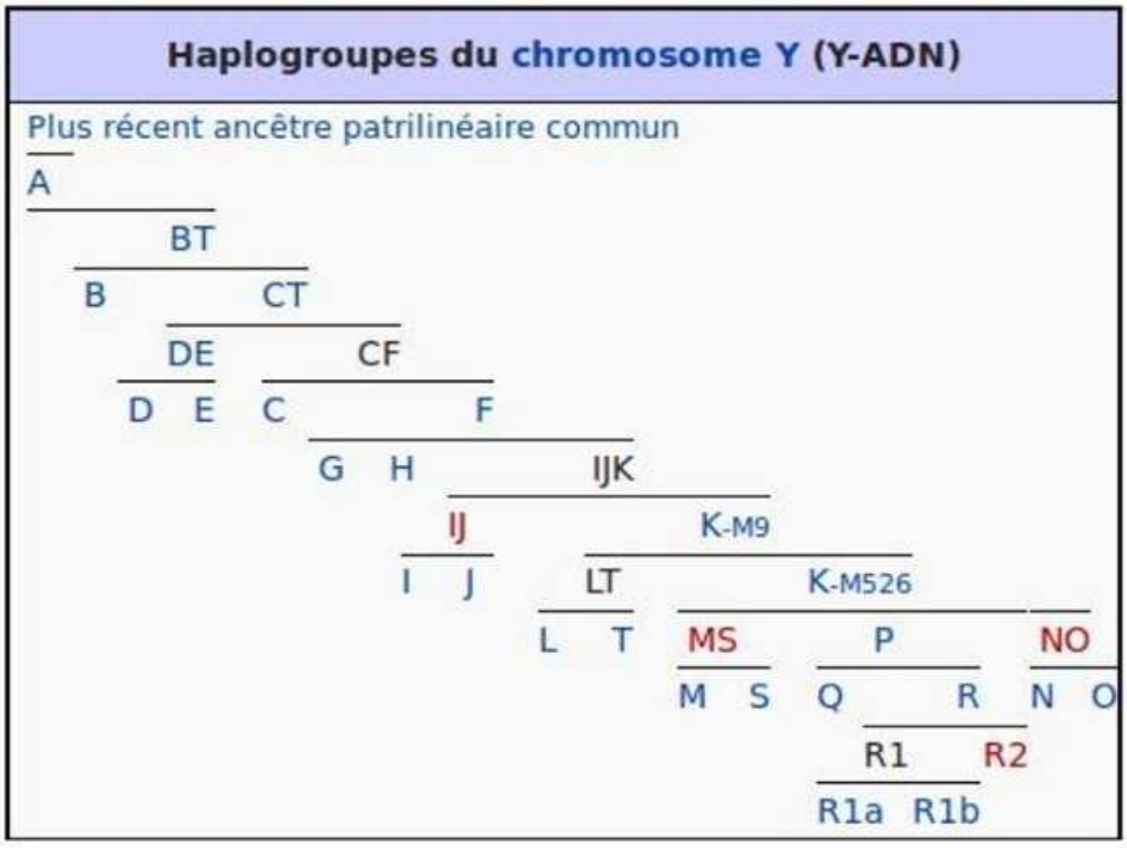
Les haplogroupes du chromosome Y (la lignée paternelle) sont au nombre de 20, nommés selon l'alphabet, et allant de A à T. À première vue, tout cela peut paraître rébarbatif. On s'y fait, à force de revenir sur ses pas.

Notre premier ancêtre commun se nomme ADAM, un usage qui rappelle celui de la Bible. Un emploi confus s'il en est un. Mais en réalité il y a 2 Adam différents: (1) celui de 200 000 BP et (2) celui de 60 000 BP.

Le premier, *Adam chromosomal,* fait référence à notre tout premier ancêtre, i. e. notre plus récent ancêtre patrilinéaire commun, celui de 200 000 ans passés. (voir le tableau ci-dessous).
Le deuxième, *Adam eurasien,* se réfère plutôt à notre premier ancêtre à sortir d'Afrique il y a 60 000 ans. (CT, dans le même tableau)

LES HAPLOGROUPES[29]

ADAM chromosomal: Il est le paternel de tous les êtres humains de la planète. Il se situe en haut de la pyramide humaine. Cet homme est la racine et le tronc de notre arbre généalogique à 20 branches (haplogroupes).[30]



[29] En me basant sur mes résultats du test BIG Y (FTDNA), le test ADN le plus complet qui soit pour préciser la date d'origine de chaque branche. Il est également souhaitable de consulter la *International Society of Genetic Genealogy (ISOGG)* à www.isogg.com.
[30] Le concept analogue du côté féminin se nomme *ÈVE mitochondriale (150 000 BP)*. Elle est la mère de tous les humains. (Le présent travail ne cherche toutefois qu'à tracer notre lignée patrilinéaire.)

(Source : Wikipedia)

Il aurait vécu à l'Est de l'Afrique. Adam a eu au moins un fils, élément indispensable pour assurer la lignée paternelle. Tout le monde sait ça.

EN AFRIQUE

Les haplogroupes (Hg) A et BT :

A : Identifié par la mutation M91, cet ancêtre a vécu il y a 140 000 ans. Ses représentants se sont déplacés vers le sud et l'est du continent africain. L'haplogroupe A se rencontre de nos jours chez certaines populations d'Éthiopie, ainsi que chez les Pygmées d'Afrique centrale. Très fréquent également chez le peuple San, en Namibie.

BT: Identifié par la mutation M42. Origine : 88 000 BP, en Afrique, peut-être au Maghreb ou au centre de l'Afrique de l'Ouest. Il n'existe plus de représentant de cet haplogroupe. Il a donné naissance à B et CT.

B : Mutation M60. Origine : 88 000 BP. Fréquent en Afrique de l'Ouest. On le rencontre chez les peuples Baka (Cameroun et Gabon) et Mbuti (Congo). Également chez les Hadza de Tanzanie.

HORS D'AFRIQUE

Tous les autres haplogroupes :

CT : Plus de 99% des êtres humains possède la mutation M168 dans son génome. Origine : 68 000 BP dans l'Est de l'Afrique. C'est notre *Adam eurasien.* M168 est l'ancêtre de tous les humains non africains. Descendant de BT, CT a donné naissance à CF et DE.

D : Mutation : M174. Origine : 46 800 BP au Moyen-Orient. Ensuite cette grande migration ira de l'Arabie jusqu'à l'Asie du Sud-Est. M174 est surtout présent au Tibet et au Japon.

E : Mutation : M96. Origine : 53 000 BP en Afrique. Après être passé par le Moyen-Orient et l'Europe, E revient en force dans le Nord de l'Afrique.

Quelques représentants célèbres: Ramsès III, Napoléon Bonaparte, Albert Einstein, Adolf Hitler, Nelson Mandela.

CF : Mutation : P143. Origine : 66 000 BP, en Asie du Sud-Ouest. Ce macrohaplogroupe est l'ancêtre des Hg (haplogroupe) C et F. Il n'existe aujourd'hui aucun humain porteur de CF.

C : Mutation : M130. Origine : 48 000 BP. En sortant d d'Afrique, Hg C se rendit en Australie, pour poursuivre sa route jusqu'en Polynésie, en Inde, en Mongolie et en Russie orientale; et éventuellement se rendre, par l'isthme de Béring, en Amérique.

F : Mutation : M89. Origine : 48 800 BP au Moyen-Orient. Cet immense haplogroupe semble avoir suivi pour un temps la même route que C-M130 vers l'Inde avant de bifurquer vers le nord en route pour l'Europe, probablement le long du golfe persique via l'Iran où il demeura plusieurs millénaires. Ce macrohaplogroupe est l'ancêtre des Hg G, H, I, J, K.

G : Mutation : M201. Hg F s'est scindé en un Hg inexistant aujourd'hui , soit le haplogroupe GHIJK. Origine : 26 600 BP, au Moyen-Orient. On rencontre G-M201 en Europe (dans certains mieux alpins), dans le Caucase, en Asie et en Afrique du Nord. Représentants célèbres : Joseph Staline, Richard III, Ötzi «l'homme de glace».

H : Mutation M52. Origine : 45 000 BP, probablement au Moyen-Orient. On le retrouve dans le sous-continent indien et chez les Roms.

I : Mutation : M170. Origine : 28 000 ans BP, au Sud-Est de l'Europe ou encore en Anatolie (Turquie). Il serait le seul haplogroupe dont l'origine est européenne. I-M170 se subdivise en I1 au nord, et I2 au sud de l'Europe.[31] Représentants de Hg I1 : Warren Buffett, Napoléon III, Andrew Johnson, Henry Clinton, Paul Raynaud.

[31] Mon haplogroupe : I2. Il s'agit donc du haplogroupe de l'ancêtre PHILIP LONG; partant de tous ses descendants masculins. Le prochain volet de la présente étude sera consacré à cet haplogroupe.

J : Mutation : M304. Origine : 31 800 BP, au Moyen-Orient. Hg du Croissant Fertile d'où sont originaires les premiers fermiers du Néolithique. Cousin de Hg I et K, Hg J est présent en Arabie Saoudite, en Égypte, en Grèce, en Albanie ainsi qu'au Kosovo.

K : Mutation : M9. Origine : 45 400 BP, en Iran ou en Asie centrale. Ce macrohaplogroupe est l'ancêtre des Hg L, M, N, O, P, Q, R, S et T. On le rencontre en Asie du Sud, en Malaisie, en Océanie et en Australie.

L : Mutation : M20. Origine : 23 200 BP, en Asie du Sud. Présent également en Asie centrale et du Sud-Ouest, de même qu'en Europe du Sud, le long de la Méditerranée.

M : Mutation : P256. Origine : 45 400 BP, en Nouvelle-Guinée. On le trouve en Papouasie, en Indonésie et chez les indigènes australiens.

N : Mutation : M31. Origine : 22 200 BP, en Eurasie. Présent aujourd'hui en Asie de l'Est, chez les Iakoutes, les Sami, les Finlandais et dans les Pays baltes.

O : Mutation : M175. Origine : 30 200 BP, probablement en Asie de l'Est ou du Sud-Est. On trouve ses représentants aussi en Asie centrale, en Océanie, à Madagascar et aux Îles Comores.

P : Mutation : P295. Origine : 31 900 BP, en Asie du Sud-Est. Présent également aux Philippines, en Sibérie et en Asie centrale.

Q : Mutation : M242. Origine : 31 900 BP, en Sibérie du Sud. Un important haplogroupe chez les indigènes d'Amérique, entre autres les Inuits. On trouve ses représentants aussi en Asie centrale et en Sibérie du Nord.

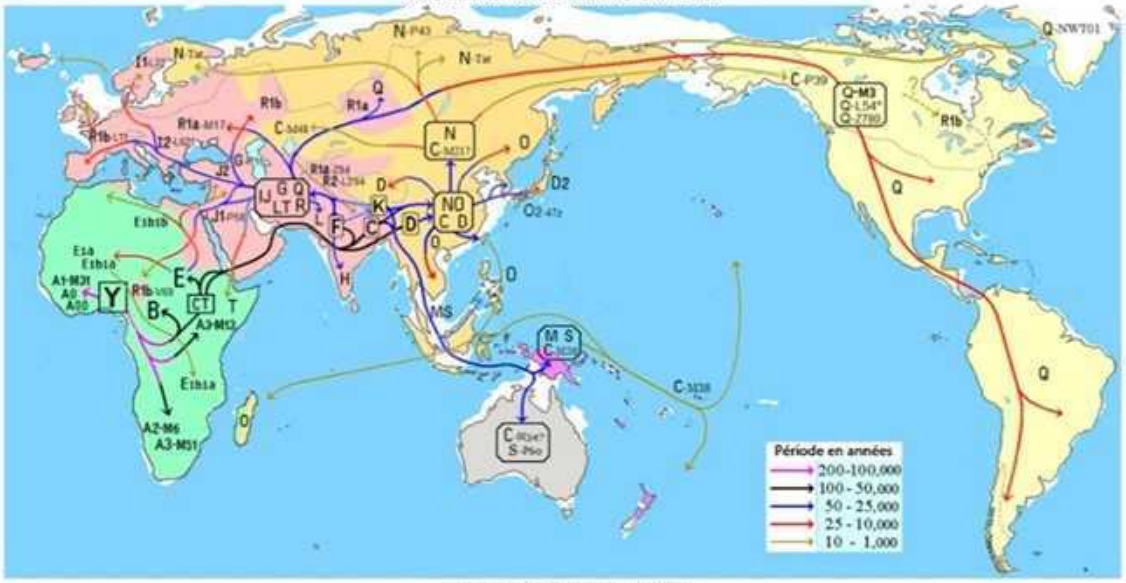
R : Mutation : M207 . Origine : 28 200 BP, en Asie centrale ou du Sud. Il se subdivise en R1 et R2. Hg R1 est de toute première importance, car il se subdivise en deux sous-clades : R1a et R1b, ce dernier très dominant en Europe. R1a (M420, 18 300 BP) se rencontre chez les Russes, les Ukrainiens,

les Polonais, les Hongrois et dans les Pays baltes. Par contre, R1b (M343, 20 500 BP) domine dans les pays d'Europe de l'Ouest, particulièrement en France.[32] Représentants célèbres de R1b : Abraham Lincoln, Charles Darwin, Che Guevara, Georges VI.

S : Mutation : M230. Origine : 28 000 BP, en Papouasie. Surtout présent en Nouvelle-Guinée.

T : Mutation : M184. Origine : 40-45 500 ans BP, en Asie de l'Ouest. Très large distribution : Asie du Sud, Europe, Moyen-Orient, Extrême-Orient, Caucase.

MIGRATIONS DE HOMO SAPIENS



(Source : Google images)

Maintenant que nous connaissons l'essentiel des 20 branches de l'arbre «génétique» de notre espèce, on peut suivre *grosso modo* l'odyssée de chaque grande famille, sur la carte qui précède…

Si nous faisions un petit exercice…

---

[32] Si votre ancêtre paternel vient de France , il y a bien des chances qu'il soit du haplogroupe R1b. Exemples : Pierre Sire (Cyr), ancêtre de tous les Cyr d'Acadie, est un R1b. Idem pour les Daigle.

Prenons l'haplogroupe I, à titre d'exemple ; son parcours suit la séquence suivante : *Adam chromosomal*, ensuite A, BT, CT (i.e. *Adam eurasien*), CF, F, IJK, I.

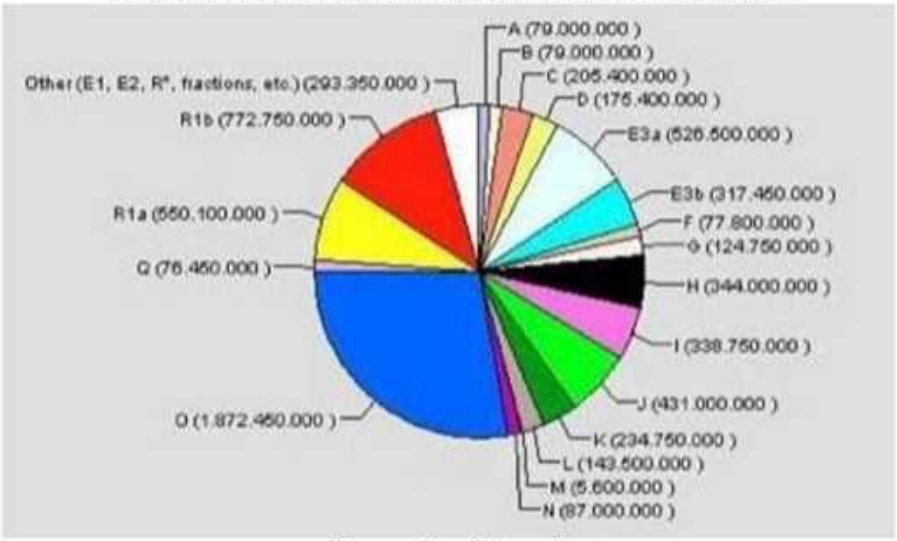
Dans le cas de R1b : on commence toujours par *Adam chromosomal*, ensuite A, BT, CT (*Adam eurasien*), CF, F, IJK… (bifurcation)… K, P, R, R1, R1b.

Comparons les deux séquences, I et R : même cheminement jusqu'à IJK; ensuite nos routes se séparent. Hg I se dirige immédiatement vers l'Europe en passant par l'Anatolie (Turquie actuelle). En réalité, il suit le Danube pour se rendre en Europe de l'Ouest. Tandis que R1b fait un large crochet en Asie avant de tourner vers la gauche pour aboutir lui aussi en Europe.

Comme le but de notre exercice est de trouver la route suivie par nos ancêtres lointains, nous reportons au volet suivant l'examen, qui se voudra sommaire, les grandes lignes de l'évolution de Sapiens.

Quatrième volet : Haplogroupe I (i), celui des descendants de Philip Long.

DISTRIBUTION DES DIVERS HAPLOGROUPES Y DANS LE MONDE ACTUEL



(Source : Google images)

(À jour le 23 mai 2017, par GL)

EN DERNIÈRE HEURE… LE 8 JUIN 2017

«*Notre espèce 100 000 ans plus vieille qu'estimée.*» (Paris , AFP)

«Les restes d'Homo sapiens qui ressemblent à l'homme d'aujourd'hui ont été mis au jour au Maroc et datés de 300 000 ans : «un coup de vieux de 100 000 ans» pour notre espèce qui semblait, déjà à cette époque, dispersée sur le continent.

Cette découverte représente la racine même de notre espèce, l'Homo sapiens le plus vieux jamais trouvé en Afrique ou ailleurs, explique le Français Jean-Jacques Hublin, directeur du département d'Évolution humaine à l'Institut Max Planck de Leipzig (Allemagne) et coauteur de ces travaux.

«Le nid de restes humains», tout à fait remarquable, dont notamment une face humaine et une mandibule, a été découvert lors de fouilles sur le site de Jbel Irhoud dans le Nord-Ouest du Maroc. Le fossile compte 3 adultes, un adolescent et un enfant.»

Une nouvelle qui n'est pas très surprenante. Plusieurs anthropologues estimaient depuis un bon bout de temps qu'Homo sapiens pouvait être âgé de 300 000 ans. La découverte vient donc confirmer cette prétention.

Comme nous l'avons précédemment dit dans ce volet, les plus vieux fossiles d'Omo, en Éthiopie, avaient été datés de 195 000 BP.

Ceux qui soutenaient que le berceau de l'humanité était situé dans la vallée du Rift africain, devront retourner à leur planche à dessin. On est ici au Maroc. C'est pas mal plus au Nord.

Les pages de la présente étude ont été écrites en mai dernier. Il faudra attendre la confirmation de cette découverte avant de modifier les connaissances actuelles. Dans ce domaine, ce qui est vrai aujourd'hui risque toujours d'être démenti le lendemain. Rien d'éternel ici.

GL

D'OÙ EST-CE QUE JE PROVIENS ?



-4-

LA LIGNÉE PATERNELLE

(Haplogroupe I : 28 000 BP)

Précisons, dès le départ, que ce 4e volet s'adresse, en premier lieu, aux descendants et descendantes de l'ancêtre PHILIP LONG. Qu'ils écrivent leur nom LONG ou LANG, cela n'a aucune importance en génétique. De plus, toute autre personne intéressée par la généalogie génétique y trouvera des renseignements utiles, surtout si elle désire savoir comment faire pour découvrir son haplogroupe (branche génétique), i.e. sa propre lignée patrilinéaire (paternelle).

1 – VOCABULAIRE GÉNÉTIQUE DE BASE

Le présent document ne se prétend pas un traité de biologie moléculaire, mais bien un outil de recherche généalogique. Nous ne pensons pas qu'il faille être un scientifique de haut vol 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.

Nous nous intéresserons ici à l'ADN du chromosome Y (ADN-Y), étant donné que nous cherchons notre lignée paternelle. À la fin de ce travail, nous consacrerons un volet à l'ADN mitochondrial (ADNmt), i.e. celui qui nous permet de découvrir notre lignée matrilinéaire (maternelle).

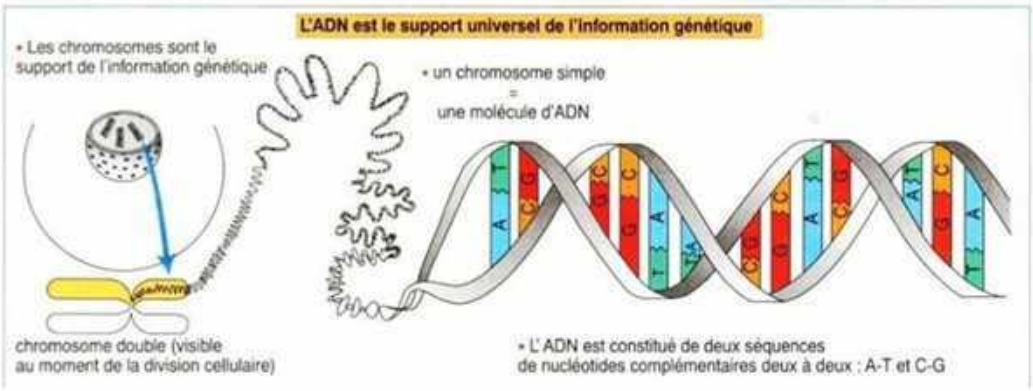
a) ADN

L'Acide DésoxyriboNucléique (abrégé en ADN) est une molécule que l'on retrouve dans tous les organismes vivants. Il renferme les *gènes* contenant toutes les informations nécessaires pour créer un organisme. Il 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 4 lettres ; les nucléotides : *adénine, thymine, cytosine, et guanine* (A, T, C, G).

Ces éléments servent à transmettre les instructions permettant à la cellule de fonctionner.[33]



Du noyau à l'ADN

(Source : Google images)

L'ADN est le support de l'hérédité, car il constitue le génome des êtres vivants ; il se transmet lors du processus de reproduction. Le génome humain est composé de 3,2 milliards de paires de base, divisées en 46 chromosomes (23 paires). Notre gentil cousin, le chimpanzé, possède 48 chromosomes.

Le premier génome humain complet n'a été décodé qu'en 2003 et publié en 2007. Le scientifique Francis Collins qui mena le projet fut tellement impressionné par ce langage à seulement 4 lettres, que, même s'il se disait athée, il n'a pu s'empêcher de l'appeler «le langage de Dieu». Chaque cellule de notre corps contient une copie complète de notre génome. Si son contenu dans le noyau d'une seule cellule était déroulé entièrement, et les chromosomes mis bout à bout, la chaîne mesurerait environ 2 mètres de

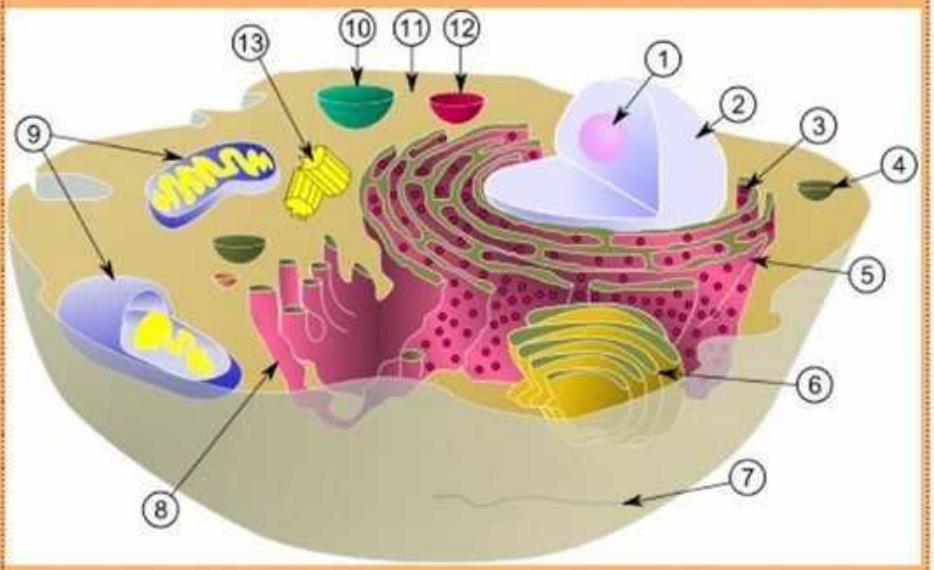
[33] Les définitions proviennent de Orphanet, Wikipedia, Eupedia et ISOOG.

long. Chaque personne possède 10 000 000 000 000 cellules, ce qui veut dire que si l'ADN de chaque cellule d'une personne était attaché ensemble, il formerait un brin de 200 milliards de kilomètres, soit plus de 1000 fois la distance entre la terre et le soleil.[34] Facile de comprendre la raison de l'émerveillement de Collins. La Nature est aussi époustouflante dans son infiniment petit que dans son infiniment grand.

b) La cellule

Organisation d'une cellule animale eucariote typique.

1. Nucléole
2. Noyau
3. Ribosome
4. Vésicule
5. Réticulum endoplasmique rugueux (granuleux)
6. Appareil de Golgi
7. Microtubule
8. Réticulum endoplasmique lisse
9. Mitochondrie
10. Vacuole
11. Cytoplasme (rempli par le cytosol)
12. Lysosome
13. Centrosome



(Source : Google images)

La cellule est l'unité fonctionnelle et reproductrice constituant tout ou une partie d'un être vivant. Toutes les cellules contiennent certains fondamentaux communs. L'ADN est l'un de ces composants. Chez le mâle, l'ADN provient du noyau (2) ; chez la femelle, l'ADN se trouve dans les mitochondries (9). Ce sont ces deux éléments qui nous intéressent ici.

[34] Référence : eupedia.com/legenomehumain.

Quant à eux, les gènes désignent une unité d'information génétique. Ils sont des fragments de l'ADN.

Le bagage génétique nous provient du père (50%) et de la mère (50%). En d'autres mots, l'égalité homme-femme est inscrite dans nos gènes, dès le départ.

c) Le système «XY» de détermination sexuelle



(Source : Google images)

Comme nous l'avons déjà mentionné, le génome humain comptent 46 chromosomes répartis en 23 paires de base.

Les paires 1 à 22 sont des chromosomes *homologues*, tandis que la 23e paire correspond aux deux chromosomes *sexuels*. Qu'est-ce à dire ?

Toujours à propos de la 23e paire, les femelles possèdent deux chromosomes (XX), alors que les mâles en ont deux distincts (XY). C'est la présence du gène SRY (*Sexual Region of Y)* sur le chromosome Y qui détermine le sexe mâle de l'enfant à naître.

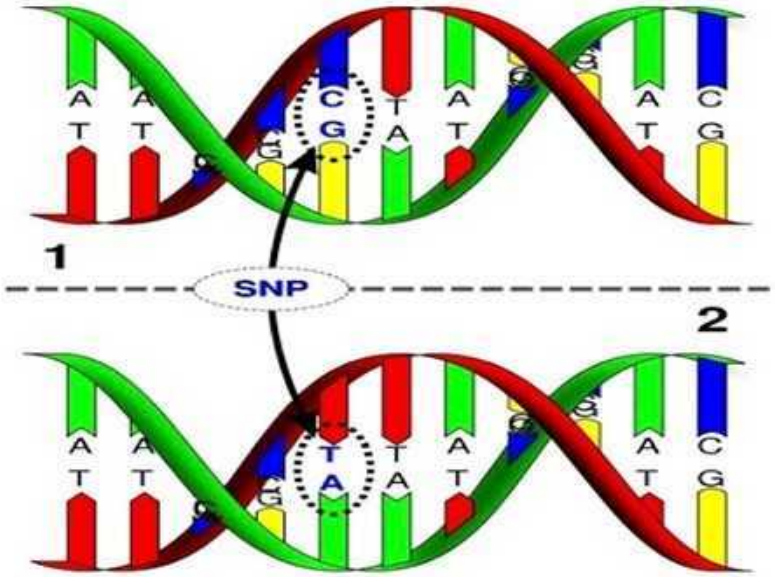
Le chromosome Y n'étant transmis que *du père à son fils*, son étude permet de suivre la lignée patrilinéaire (paternelle, directe) d'une famille, d'une

ethnie ou d'une espèce. Voilà pourquoi nous faisons appel, dans notre étude, à l'ADN-Y et non pas à l'ADNmt (féminin).

d) Les mutations génétiques

Au niveau de la génétique des populations, la mutation se définit comme une erreur dans la reproduction conforme du message héréditaire.[35] Ce changement se produit par la disparition (délétion) ou par l'ajout (insertion) de marqueurs génétiques. Une mutation peut se produire de façon naturelle et aléatoire. Les tests génétiques carburent aux mutations lentes (SNP).

EXEMPLE DE MUTATION GÉNÉTIQUE



(Source : Google images)

- Le test génétique *Y-DNA (STR)*[36] identifie les mutations qui se produisent selon un rythme rapide, i.e. à tous les 200 à 800 ans. Ce qui donne le profil

[35] Référence : Widipedia, *Mutation génétique*.
[36] STR signifie *Short Tandem Repeat*.

génétique (appelé *haplotype*) d'un individu.

- Par contre, le test *Y-DNA (SNP)*[37] identifie les mutations qui se produisent à un rythme beaucoup plus lent, i.e. à tous les 7 000 ans environ. Voilà pourquoi, ils servent à déterminer les 20 grandes branches (appelées *haplogroupes* (= *Hg*) de l'arbre généalogique universel.

Les SNiP *(c'est ainsi que se prononce SNP)* constituent la forme la plus abondante de variations génétiques dans le génome humain. Elles représentent plus de 90% de toutes les différences entre individus. Ces variations sont associées à de la diversité entre populations ou individus. Même si nous sommes à 99,9% identiques, c'est le 0,1% qui nous différencie les uns les autres.[38]

En somme... Ces premières pages, d'ordre général, peuvent s'appliquer à toute personne intéressée à découvrir sa lignée, en se prêtant à un test ADN.[39] Ce n'est pas très méchant ; un peu de salive et le tour est joué.

Il faut être bien certain de son choix de test cependant.. Vous voulez connaître votre lignée paternelle? Il vous faut un test qui mesure le chromosome Y exclusivement. Pour les hommes seulement. Les femmes, demandez à un frère, ou à un oncle de passer le test. De son côté, la compagnie *23andme* propose un intéressant test autosomal (lignées masculine et féminine combinées), à un prix abordable. (Ce test m'a certifié que je suis du haplogroupe paternel I (i), et du haplogroupe maternel H). Vous recevez toujours, de ces laboratoires, un rapport explicatif de base.

---

[37] SNP se prononce SNiP et signifie *Single Nucleotide Polymorphism*.

[38] RÉFÉRENCE : sdu.upmc.fr/polymorphisme.

[39] Test ADN-Y conseillé pour connaître son haplotype et son haplogroupe masculin: au moins le test *Y-DNA 37* de FTDNA (Family Tree DNA). Un clic sur FTDNA, et vous aurez tous les détails. Besoin d'aide? Je suis à longg@videotron.ca; ou encore sur Facebook.

2 – L'ODYSSÉE DE MA LIGNÉE PATERNELLE (haplogroupe I)

Mon premier test ADN-Y, je l'ai passé en 2005. J'en ai fait plusieurs autres depuis. Il n'est pas nécessaire d'en passer autant, mais, dans mon cas, j'en ai fait un projet de retraite. Dès le départ, j'ai découvert deux «cousins génétiques» américains, avec lesquels j'ai un ancêtre commun[40] qui a vécu entre 300 et 600 ans passés.

Mais là je saute des étapes. Je reviendrai aux «cousins américains» lorsque nous verrons comment la génétique peut être utile en généalogie. Soyons patients.

Dans le volet précédent, nous avons examiné l'arbre généalogique commun à tous les êtres humains. Aujourd'hui, je m'arrête à une seule branche de cet arbre à 20 branches, soit *l'haplogroupe I*, qui est le mien. *(Et partant, celui de tous les descendants de notre ancêtre Philip Long.)*

Le test le plus complet, soit le *BIG Y* de FTDNA, nous permet de remonter très loin pour ainsi établir notre parcours patrilinéaire. Voici nos nombreux ancêtres, en commençant par le plus ancien. Nous allons les reconnaître par leur marqueur, c'est-à-dire la mutation que chacun a été le premier à porter. (Ex. : Hg CT, identifié par le marqueur M168).[41]

La façon la plus simple d'identifier un ancêtre, c'est de le nommer par la lettre et le chiffre que porte sa mutation ; ici, M168.

Voici la séquence de mes ancêtres, allant jusqu'au dernier connu, A427 ; lequel aurait vécu il y a 4 700 ans :

---

[40] TMRCA = *Time to Most Recent Common Ancestor*. En français : dernier ancêtre commun.

[41] M168 = Convention établie par l'organisme ISOGG (International Society of Genetic Genealogy). La première lettre identifie le laboratoire découvreur de la mutation. Pour nommer ce porteur, on peut aussi écrire CT-M168.

ADAM chromosomal, ensuite A, BT, CT, CF, F, IJK, IJ, I, I-M438, I-L460, I-M436, I-M223, I-CTS616, I-CTS10057, I-L701, I-P78, I-A427.

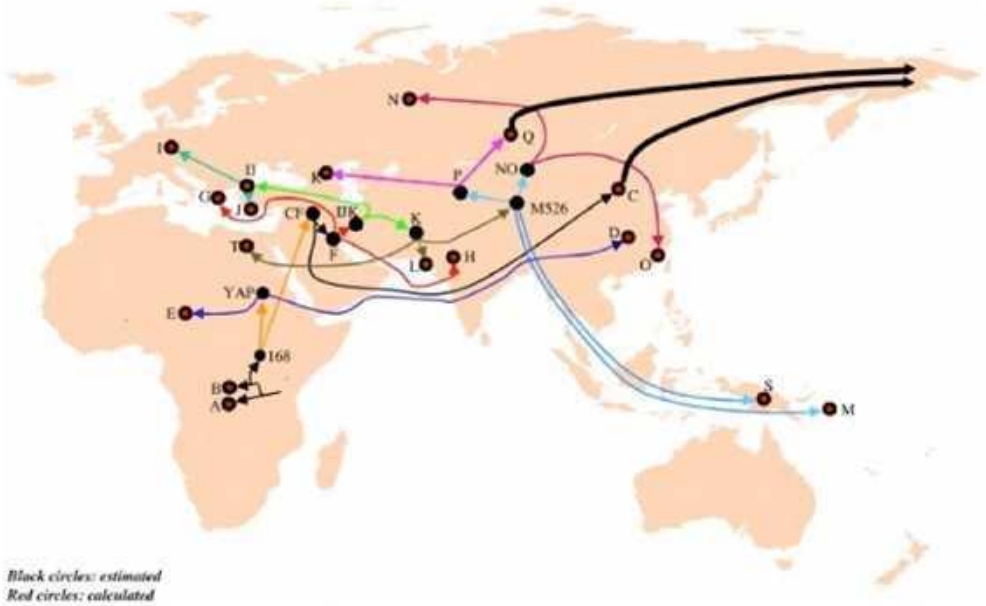
Les mutations notées en rouge sont celles de ma branche : haplogroupe I, dont l'origine de l'ancêtre commun remonte à 28 000 ans BP. Hg I descend de IJ qui lui descend de IJK … en remontant jusqu'à ADAM Y-chromosomal.

Adam chromosomal: Il est l'ancêtre de tout le monde. On le sait. Il faut toujours le placer en haut de la pyramide.

3 – DE 100 000 À 28 000 ANS BP (Before Present)

Premièrement, voyons un peu plus longuement les ancêtres les plus âgés de notre lignage : (A, BT, CT, CF, F). Nous ferons la séquence I (i) ensuite.

Cette carte simplifiée des haplogroupes du monde nous permet de suivre facilement notre parcours : A > B > CT (168) > CF > F> IJK > IJ > I.



(Source :Google images)

a) La branche A (P305) est l'un des premiers haplogroupes à ne pas être partagés par tous les humains. Des exemples de Hg A actuels, on en trouve chez les Pygmées Baka du Cameroun. Cela signifie que A-P305 est la dernière mutation de leur génome. Leur branche se termine par la mutation P305, vieille de 133 400 ans, selon le test *BIG Y*. Ils doivent ressembler à nos ancêtres de cette époque, car, nous dit-on, la morphologie de l'Homo sapiens n'a pas beaucoup évolué depuis 200 000 ans

UN REPRÉSENTANT BAKA (A-P305)



(Source : Google images)

Les Baka sont parmi les derniers chasseurs-cueilleurs du monde. Ils sont des semi-sédentaires qui vivent aujourd'hui dans des villages créés le long de pistes forestières. La population totale ne dépasse pas 30 000 personnes.[42]

b) Notre branche suivante, i.e. l'haplogroupe BT-M42, provient elle aussi d'un passé lointain. Le porteur de cette mutation vivait il y a 88 000 ans ; 99% de tous les êtres humains possède cette mutation dans leur génome. Les individus de cette lignée qui sont demeurés en Afrique vivent encore

[42] Référence : Wikipedia, *Baka, peuple du Cameroun et du Gabon*. Chasseur-cueilleur : nous y reviendrons en détail.

eux aussi comme d'anciens chasseurs-cueilleurs, en Afrique centrale (les Mbuti) et en Tanzanie (les Hadza).

UN REPRÉSENTANT HADZA (BT-M42)



(Source : Google images)

c) Notre prochaine branche : CT-M168. Vous le reconnaissez ? Il s'agit bien de notre Adam eurasien *(Out of Africa Adam)*, l'ancêtre de tous les non-africains. Il est sorti d'Afrique depuis environ 60 000 ans. Certains scientifiques soutiennent plutôt 70 000 BP ; d'autres, 50 000 BP. Comme quoi, la génétique des populations, c'est le domaine des approximations. CT descend de BT, et il serait âgé de 68 500 ans. Avec CT, notre lignée sort définitivement d'Afrique. Arrêtons-nous un instant.

Homo sapiens est-il sorti d'Afrique par le Sinaï ou par le détroit de Bab el Manded, en Érythrée ? À ce jour la route privilégiée a toujours été celle du Sud ; mais en 2015, le généticien Luca Pagani, de l'Université de Cambridge (Royaume-Uni), affirma que «c'est via l'Égypte et le Sinaï qu'Homo sapiens est sorti d'Afrique. Parce qu'il y a une plus grande proximité génétique des génomes égyptiens avec ceux des Européens et des Asiatiques.» Cela conforte l'idée que l'Égypte aurait été comme le dernier «arrêt» de nos ancêtres avant de se déployer partout dans le monde.



(Source : hominides.com)

L'autre hypothèse, soutenue par des archéologues, soutenaient que les migrants préhistoriques avaient suivi la «route du Sud», partant d'Éthiopie, empruntant les eaux peu profondes du détroit Bab el Manded, puis la péninsule Arabique pour gagner l'Asie notamment.[43] Un litige toujours actuel.

La population se multiplia rapidement à cette époque du Paléolithique supérieur, et, le climat aidant, l'on chercha de nouvelles contrée plus propices à la chasse. Pour comprendre ces temps anciens, il faut avoir à l'esprit deux incontournables : le gibier et le climat.

Le temps de la sortie d'Afrique est caractérisé par une évolution rapide de l'homme moderne. Certains parlent d'un grand bond en avant. Il est bien démontré que, au cours des siècles, le développement d'Homo sapiens ne s'est pas fait de façon linéaire. Il y a toujours eu des périodes de développement plus intense, des *Giant Leaps*, comme on dit en anglais.

D'après Ian Tattersall, auteur de *Becoming Human* (1998), les recherches archéologiques nous enseignent que vers 40 000 BP, les descendants d'Homo sapiens ont adopté un comportement empreint d'un degré avancé en matière de fabrication d'outils, et dans l'usage du symbolisme; les peintures rupestres en témoignent. Le langage se développa très vite.

[43] Référence : sciencesetavenir,fr, *L'homme moderne serait sorti d'Égypte*, 23.06.2015.

d) CF-P143 s'est scindé en deux haplogroupes : C et F. À partir du Moyen-Orient, des représentants du l'haplogroupe C se rendirent jusqu'en Australie, en suivant la côte. On trouve leurs descendants aujourd'hui en Asie, en Océanie et en Amérique du Nord, comme chez les peuples de langues N-Dené. Les Mongols, les Kazakhs, les Aborigènes d'Australie font eux aussi partie de C.

ABORIGÈNE D'AUSTRALIE



(Source : Google images)

e) F-M89. Un immense haplogroupe, vieux de 48 800 ans, qui a donné naissance à G, H, IJ, I, K. Dans le volet précédent, nous avons mentionné que F a probablement suivi C-M130 vers l'Asie avant de se diriger vers le Nord, en route pour l'Europe. Il demeura plusieurs millénaires en Iran. Et la Mésopotamie, c'est le berceau de la civilisation. L'invention de l'écriture. Les premiers fermiers. On aura l'occasion d'y revenir dans un prochain chapitre. Bien qu'un groupe de F-M89 demeurât au Moyen-Orient, ceux dont faisaient partie nos ancêtres suivirent les troupeaux de buffles et d'antilopes vers l'Iran et les steppes de l'Asie centrale. Vers 40 000 BP, le climat devint à nouveau plus froid. La sécheresse frappa l'Afrique, le désert remplaçant les pâturages. En Eurasie, les plaines semi-arides formèrent un immense corridor *(super highway)* allant de la France à la Corée.

IRANIENNE D'AUJOURD'HUI



(Source : Google images)

f) IJK-M522 : Ce macrohaplogroupe s'est séparé de F, il y a de cela 48 500 ans. Il venait du Nord de l'Iran. Pourquoi des haplogroupes multiples comme celui-ci ? On ne rencontre pas de ces porteurs dans la réalité. Ils sont regroupés ainsi parce que certaines mutations sont communes à I, à J, et K. La même raison s'applique au suivant, IJ. Les Hg I1, I2, J1, J2, Rib, R1a et G en descendent.

g) IJ-M429 : âgé de 42 900 ans, il provient du Moyen-Orient. Il se scinda rapidement en deux branches : I et J. Les représentants de cet haplogroupe sont probablement originaires eux aussi du Nord de l'Iran. Pour se rendre en Europe, ils ont empruntés l'une des 2 routes suivantes : (1) le sud de la mer Caspienne et le Caucase, ou (2) l'Anatolie. Dans l'un ou l'autre cas, pour aboutir dans les Balkans. Les Balkans sont importants pour Hg I.

L'ODYSSÉE DE L'HAPLOGROUPE I : NOTRE LIGNÉE

h-1) I-M170 : Cet ancêtre commun existe depuis environ 27 500 ans, il est né dans les Balkans. Si I-M170 est arrivé en Europe par la route du Nord, il a dû passer au Nord de la mer Noire, via l'Ukraine et la Roumanie.

S'il a emprunté la route du Sud, il est passé par l'Anatolie (la Turquie actuelle), pour aboutir en Bulgarie. D'une façon ou d'une autre, l'haplogroupe I est le lignage paternel majeur le plus ancien d'Europe. On dit de ses représentants qu'ils sont un peuple du Danube, i. e. dont l'évolution suivit le grand fleuve.

LES PAYS BALKANIQUES



(Source : cosmovisions.com/Balkans)

L'haplogroupe I est peut-être le seul haplogroupe qui y naquit. En d'autres termes, Cro-Magnon[44] appartenait probablement à Hg I, lequel a dominé le Sud-Est de l'Europe avant l'expansion de l'haplogroupe R.

[44] On nomme ainsi les Homo sapiens d'Europe d'après un abri sous roche de la Vézère (Dordogne) où furent trouvés ses vestiges. Cette appellation est réservée à la langue française. En anglais, on utilise plutôt *Early Europian Modern Human (EEMH).*

Hg I, on le retrouve chez 20 % de la population européenne. C'est la branche la plus importante en Bosnie (65%) et en Herzégovine (75%). En Serbie, la concentration est de 44%, en Croatie environ 40%, et au Monténégro la fréquence avoisine aussi les 40%. Hg I se rencontre également chez les Roumains, les Bulgares et les Macédoniens avec des fréquences moindres de 20 à 35%.[45]

Cet haplogroupe est encore bien présent dans les Balkans d'aujourd'hui. P37.2 représente la section *slave* de Hg I. Pas nous. Nous sommes plutôt de la section *germanique continentale* (I-M223), tandis que la Suède, la Norvège, l'Islande et le Nord de l'Allemagne sont surtout des I-M253.

En fait, I-M170 s'est rapidement scindé en deux grands sous-clades : I1 et I2. I1 se trouve surtout dans le Nord de l'Europe, et en Scandinavie ; I2, surtout dans la partie sud.

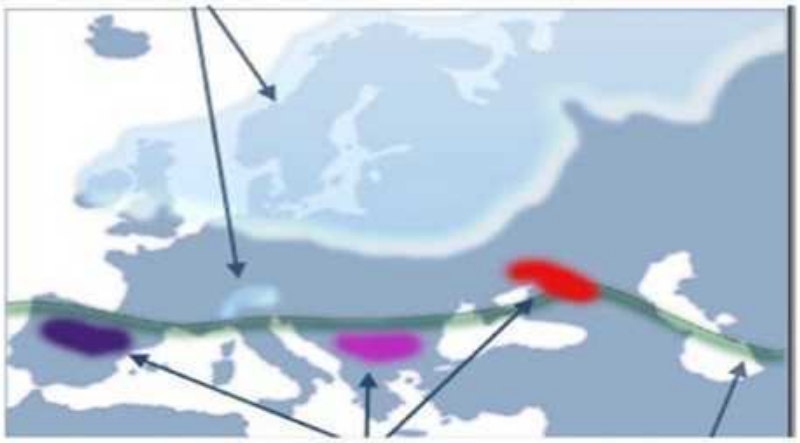
Un mot à propos de I1 (I-M253. Cet haplogroupe est notre «cousin». On l'associe aux Vikings. Il est très présent en Angleterre et au Nord de l'Allemagne. Nous n'en parlerons pas plus longuement ici pour ne pas embrouiller l'histoire de notre branche I2a2a (ou I2b1), i.e. M223.

h-2) I-M438 (I2) : Il est originaire lui aussi des Balkans. Cet ancêtre serait âgé de 21 600 années. Nous sommes à l'époque du Dernier Maximum Glaciaire (DMG), qui a duré de 26 500 à 18 000 BP. Les Européens de cette époque sont des chasseurs-cueilleurs.[46] **Bien noter que les représentants de notre haplogroupe étaient des chasseurs-cueilleurs et non des fermiers. Donc, à l'époque de I-M438, nos ancêtres sont des nomades. Ils suivent le gibier. Mais cette période de froid glaciaire complique leur vie pas à peu**

[45] Référence : Wikipedia, *Haplogroupe I.*
[46] Sous peu, nous ferons une distinction plus détaillée entre les «chasseurs-cueilleurs» et les «premiers agriculteurs».

près. Tout le Nord de l'Europe est sous la glace, si bien que tout le monde descend se réfugier dans 3 principaux endroits : en Espagne, dans les Balkans et en Ukraine. Les individus de notre lignage (I2) ont, pour leur part, trouvé refuge dans les Balkans. Certains ajoutent un autre refuge dans le Nord de l'Italie.

DERNIER MAXIMUM GLACIAIRE (DMG)

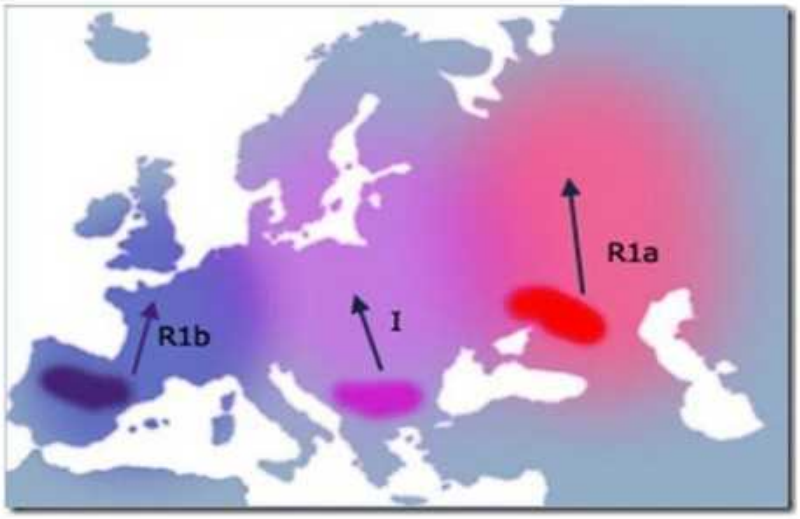


Bleu pâle = aire des glaces. Ligne verte = ligne des arbres.

3 principaux refuges : rouge = Hg I2.

(Source : vieilleeurope.com)

LES PRINCIPAUX HAPLOGROUPES EUROPÉENS



Le DMG fut à son apogée en 18 000 BP. Il faut savoir qu'un tel changement climatique bouleverse les espèces animales et végétales qui doivent s'adapter pour ne pas disparaître. Car une énorme quantité d'eau se trouve emprisonnée. En Europe les glaciers recouvraient une bonne partie des îles Britanniques, la Finlande, la Russie, la Pologne et une partie de l'Allemagne. La tundra et la savane s'installent.

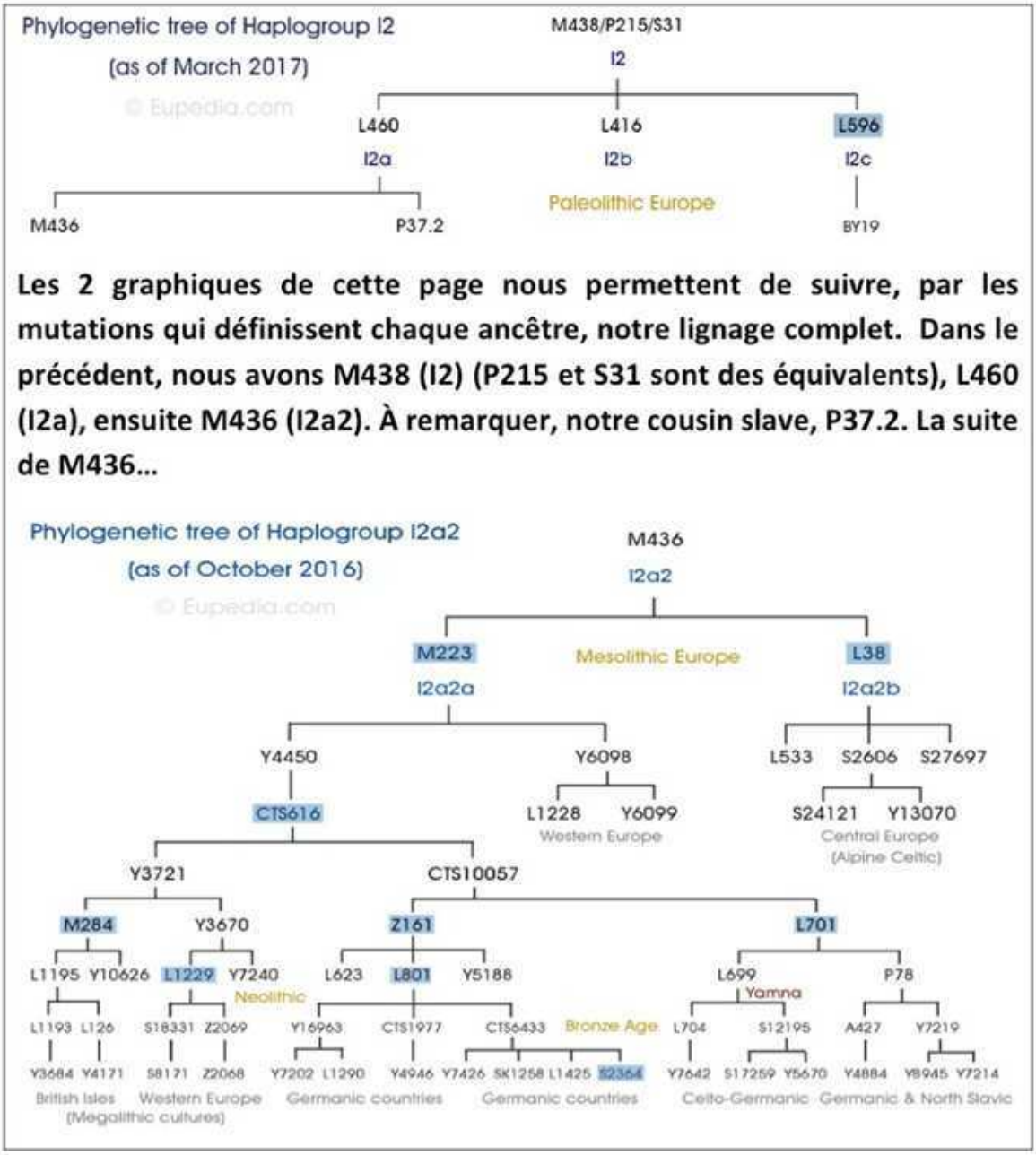
Le niveau des océans s'abaisse d'environ 120 m ; la réduction importante des pluies entraîne l'extension des déserts.

Dans les régions qui ont échappées aux glaces, les sols sont gelés parfois jusqu'à 300 mètres. Les vents froids qui balaient ces régions soulèvent des nuages de poussières pouvant s'accumuler jusqu'à 200 mètres d'épaisseur. C'était le cas en Europe occidentale.

À l'inverse, les régions subtropicales, comme l'actuelle Égypte ou le Sénégal deviennent très arides par manque de pluies. Mammouths, rhinocéros laineux, lions des cavernes et rennes vivaient sous nos latitudes à cette époque pas si lointaine. (Source : denisova.com)

Si nous nous sommes attardés à la description du climat de l'époque quaternaire, c'est pour bien montrer comment nos ancêtres étaient, encore plus que nous, dépendants des soubresauts du climat. Nos petites tempêtes n'auraient pas ému nos ancêtres Hg I2 outre mesure. Et les géographes de nous dire que la terre oscille entre des périodes de froid et de réchauffement. Ces variations climatiques se sont produites à 10 reprises au moins, espacées d'environ 100 000 ans. Les périodes de réchauffement, comme celle que nous vivons actuellement, durent environ 20 000 ans. D'ici à 10 000 ans, il faut s'attendre à une nouvelle période de refroidissement. (Un exemple qui nous touche de près. Pendant le dernier âge glaciaire, une calotte de glace épaisse de plus de 1500 mètres recouvrait le tiers du continent nord-américain (dont le New York actuel).

Revenons maintenant au séquençage des mutations de notre arbre.



Les 2 graphiques de cette page nous permettent de suivre, par les mutations qui définissent chaque ancêtre, notre lignage complet. Dans le précédent, nous avons M438 (I2) (P215 et S31 sont des équivalents), L460 (I2a), ensuite M436 (I2a2). À remarquer, notre cousin slave, P37.2. La suite de M436…

…M223 (I2a2a), CTS616 > CTS10057> L701> P78> A427*. Y4884 ne s'applique pas dans notre cas, parce que notre A427 est une mutation dite d'origine *(root)*, i. e. sans descendance connue, du moins pour l'instant. Les signalisations historiques : Paléolithique, Mésolithique, Néolithique, Âge du

Bronze sont là pour nous indiquer à quelle époque ont vécu nos différents ancêtres. Nous les détaillerons sous peu.

Dans le graphique précédent, vous avez noté la mention sous A427 : *GERMANIC*. Une précision qu'il ne faudra pas oublier lorsque nous parlerons de nos 2 cousins génétiques américains. Pour l'instant, continuons avec notre séquence du Hg I.

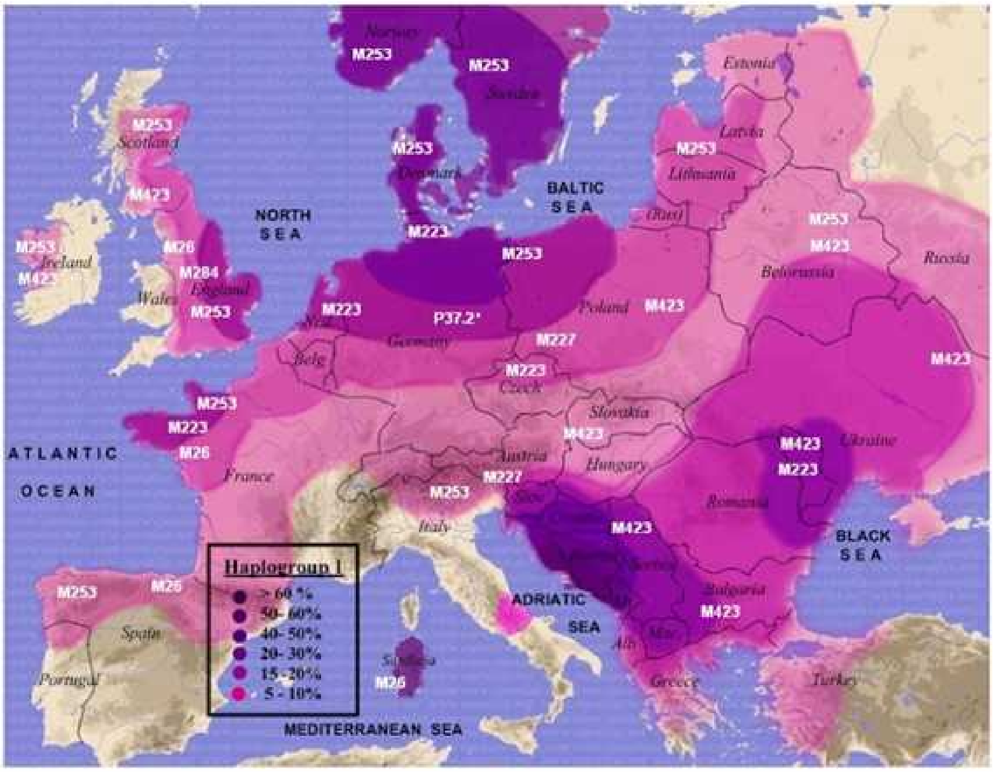
h-3) I-L460 : Nous ne savons à peu rien de lui, si ce n'est qu'il vécut peu de temps après la séparation de I1 et I2, il y a 21 200 ans. Certainement originaire des Balkans, car il est en pleine période glaciaire.

h-4) I-M436 ou P214: Nous en savons beaucoup plus sur celui-ci. Des Balkans, également, il vivait voilà 17 500 ans BP. Il est un proche parent de I1-M253, lequel s'est réfugié au Nord de l'Espagne durant le DMG. I2a2-M436 dans une proportion de plus de 4% en Allemagne, aux Pays-Bas, en Belgique, au Danemark, en Angleterre (sans inclure Cornwall), en Norvège, ainsi que dans le Perche, l'Anjou, le Maine et la Normandie. Une large distribution. M436 est lié à l'histoire des peuples germaniques. Cette sous-clade est associée avec les peuples de pré-celto-germaniques du Nord-Ouest de l'Europe, cont, par exemple les bâtisseurs de mégalithes.

h-5) I-M223 On le connait aussi sous la nouvelle signature I2a2a. Il n'y a pas longtemps il se nommait I2b1. Il faut être très attentif, car en de nombreuses références, en particulier sur les cartes géographiques, on l'appelle toujours ainsi, I2b1. Je n'entre pas dans plus de détails en rapport avec les appellations de ISOOG, car, pour être franc, je ne les comprends pas toujours moi-même ; et semble-t-il que je ne suis pas le seul.

M223 est plus proche de nous : 12 100 BP. Tout un âge pour être jeune, mais génétique oblige. On situe son origine dans la partie nord de l'Allemagne. Il se subdivisera en 5 sous-clades : I2a2a* (root), I2a2a1-M284, I2a2a3-Z161, I2a2a4-L1229, I2a2a4a-Z2054, et le nôtre I2a2a2-L701. Une chose qu'il ne faut pas oublier, c'est qu'il y a du va-et-vient chez la vieille

Europe. Le mouvement des populations ne va pas toujours dans la même direction. Nous en voulons pour exemple le formidable exode nord-sud provoqué par le DMG. Ne pas l'oublier.



(Source : Google images)

I-M223 couvre un très large territoire, comme l'illustre la carte. De l'Ukraine en allant vers le Nord, via le bassin des Carpates (Hongrie, Slovaquie, Tchéquie), pour se rendre dans le Nord de l'Allemagne jusqu'au Danemark. M223 est présent dans les îles Britanniques par le sous-clade M284. Haplogroupe I est originaire du continent. M223 qui est d'origine balkanique a largement contribué au repeuplement de l'Europe du Nord après la fonte des glaces du DMG. Ce territoire avait déjà été occupé par l'haplogoupe IJ. C'est un je-reviens-chez-nous. Dans vos lectures, vous rencontrerez encore des textes voulant que M223 soit originaire de France. Douteux.

En un mot… Haplogroupe I est né dans le Balkans ; ses descendants ont habité le bassin des Carpates avant de se rendre au Nord du continent. Arrive la glaciation du DMG. Tout le monde doit redescendre s'abriter dans l'un des 3 ou 4 refuges. Les descendants de I2 se retrouvent à nouveau dans les Balkans. À la fonte des glaces, on reprend la route pour repeupler le Nord. Voilà essentiellement ce qui est arrivé à notre Hg I.

DOGGERLAND



(Source : Google images)

h-6) Nous regroupons les 3 sous-clades I-Y4450, I-CTS616 et I-CTS 10057, car ils ont un lien direct avec le Doggerland. Nous sommes rendus à 10 600 BP. Au DMG, le niveau de la mer était plus bas qu'à l'époque actuelle d'environ 120 m. On le sait déjà. Donc, une grande partie de l'actuelle mer du Nord émergeait. Des fleuves comme le Rhin, la Tamise, la Seine, la Somme se rejoignaient et formaient le fleuve Manche. Le Doggerland, cet immense masse de terre joignant le continent et l'Angleterre, se recouvrit graduellement à la fonte de glaces. Vers 8 500 BP, le reste des terres encore émergées ont été touchées par un énorme tsunami provoqué par un glisse-

ment de terrain au large de la Norvège qui avala le Doggerland. C'est ainsi que naquirent les îles Britanniques, la mer du Nord, la Manche actuelle.[47]

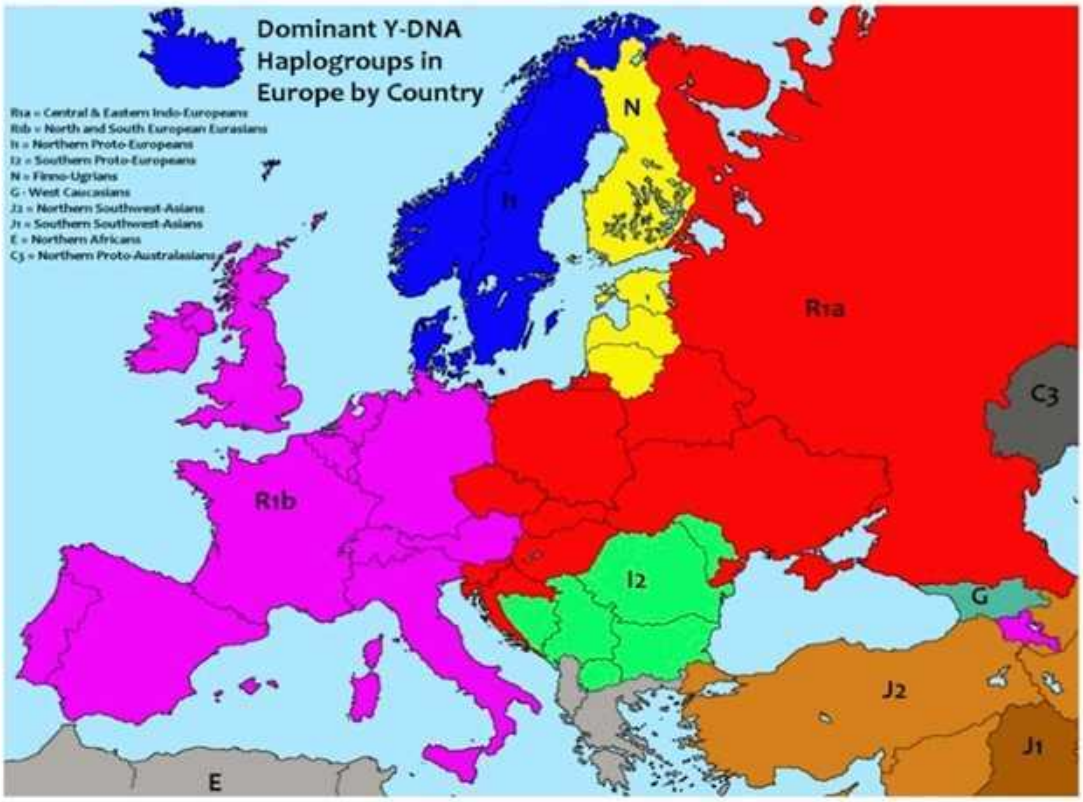
Or, ledit Doggerland était habité, en partie, par des représentants des 3 sous-clades de notre lignage. Évidemment nos ancêtres de ces sous-groupes de Hg I n'ont pas péri dans ce tsunami. Mais certains de leurs descendants, notre parenté, ont été engloutis. Une autre preuve que ce sont les aléas de la géographie qui nous mènent. Sans la géographie et l'histoire où serions-nous ? (Une petite fleur en passant, à l'intention des géographes, des historiens et historiennes).

h-7) Il convient de faire un retour à la page 18 pour bien situer notre prochain ancêtre I-L701. Il a été formé vers 9 900 BP, et a rapidement bifurqué en deux branches principales : L699 et P78.

h-8) I-P78 et A427 : Originaires d'Europe centrale, probablement dans la région de la république Tchèque, P78 a une large distribution. On le trouve dans toute l'Europe centrale et du Nord-Ouest, en particulier en Pologne, en Allemagne et aux Pays-Bas, mais aussi en Roumanie, en Hongrie, en Scandinavie, en Grande-Bretagne, en Irlande, en France et en Italie. Des échantillons isolés ont également été trouvés en Grèce, en Turquie et en Arménie. Une branche d'A427 se trouve parmi les Juifs ashkénazes possédant pour la plupart des noms de famille allemands, probablement le résultat de conversion d'Allemands au judaïsme au Moyen Âge. I-P78 est étonnamment absent de Scandinavie et d'Écosse. Malheureusement, notre dernière mutation connue A427* ne remonte qu'à un ancêtre qui vécut il y a 4700 ans. L'astérisque signifie que c'est une mutation *root,* qui a toutes les chances de ne pas avoir de descendance. Cela voudrait dire que notre lignée génétique s'arrêtera là. Le test *BIG Y* en a découvert un autre individu comme moi. Il vit aux États-Unis. Son ancêtre paternel porte un

[47] Référence : Wikipedia, *Doggerland*.

nom allemand, et il a toute une flopée de patronymes allemands parmi ses ancêtres.



(Source : Google images)

À noter, sur la carte, que les I1 sont surtout présents en Scandinavie ; les I2 sont au Sud, dans les Balkans.[48]

Parlons maintenant de ces deux Américains avec qui j'ai un match de 35/37 mutations, telles que mesurées par le test Y37 de FTDNA. Je ne vais employer que les initiales de chacun : GL (Gilles Long), DL (D. Long) et JW (J. Waite).

[48] Nous avons dû, lorsque non disponibles en français, utiliser des cartes illustrées en langue anglaise.

L'haplogroupe I, dont nous venons de terminer la séquence, ne nous permet pas d'aller plus loin qu'un ancêtre commun qui a vécu il y a 4700 ans passés. Le test *ADN-Y (SNP*) nous a permis d'identifier notre histoire ancestrale lointaine.

Par contre, le test *ADN-Y (STR)* peut, en plus de déterminer notre haplogroupe, chercher s'il n'y a pas dans les banques de données des individus qui auraient un profil (haplotype) proche de soi-même. C'est ainsi que j'ai découvert JW et DL. Eux et moi, nous avons un match qui nous permet de dire qu'il y a 99% de chances d'avoir un ancêtre commun qui a vécu entre 300 et 600 ans passés. Notre histoire ancestrale récente.

Ces 2 cousins génétiques ont des liens avec la Pennsylvanie. JW demeure présentement à Philadelphie. DL demeure en Californie, mais sa famille immédiate provient du Michigan, par voie de la Pennsylvanie.

JW peut remonter jusqu'à un ancêtre d'origine allemande qui est né aux États-Unis en 1799. Mais il ne peut trouver un lien génétique avec ces ancêtres Waite, lesquels à leur arrivée aux EU portaient le nom de Wecht.

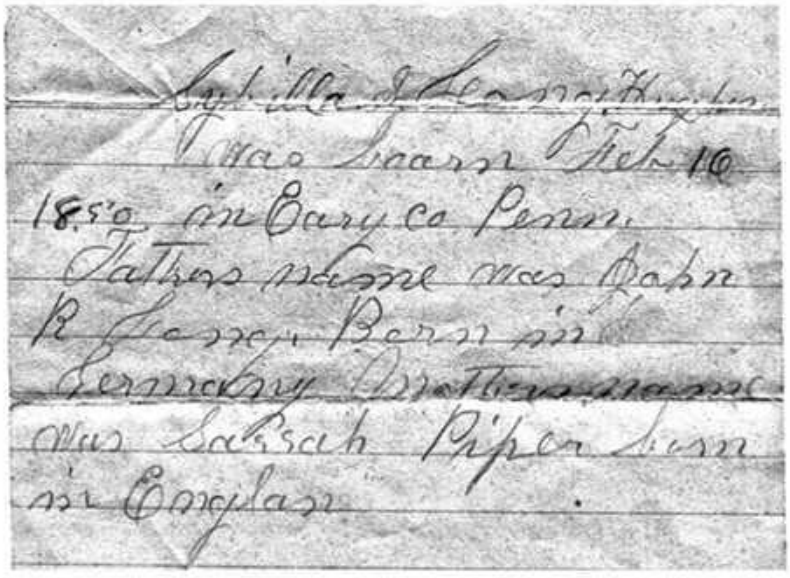
JW a un match de 35/37 avec GL, mais de 37/37 avec DL. Ce qui signifie qu'il partage un ancêtre commun avec DL qui a vécu il n'y a que quelques générations. Tout cela laisse supposer qu'il y a eu, dans sa lignée, adoption dans le cas de JW ; ou peut-être, quelque part dans sa famille pas trop lointaine, ce qu'on appelle en anglais, un *NPE (Non Parental Event).* Tout ceci pour dire que génétiquement parlant, JW et DL sont très proches l'un de l'autre. Avant de poursuivre…

Une question qui nous vient rapidement à l'esprit quand on reçoit ses premiers résultats de test et qu'on découvre qu'un proche parent génétique porte un nom différent du sien, on se dit : «C'est pas possible!». Oui, c'est possible. En Europe, les noms de famille existent depuis environ 1000 ans. Alors si vous vous basez uniquement sur le nom de famille pour établir votre lignée, vous ne pourrez pas aller plus loin que 1000 ans. Tandis

que la génétique nous permet de remonter très très loin, comme nous le savons maintenant. Nous venons de voir, dans cette étude, que nous avons dans notre génome des marqueurs (ou mutations) qui nous amènent jusqu'à Adam Y-chromosomal, soit au moins 200 000 ans BP, ou peut-être même 300 000 ans. Et les noms de famille ne sont pas attribués pour des raisons d'ordre génétique, mais plutôt selon des caractéristiques physiques (comme Long ou Lang qui signifie *haut de taille*), ou encore des noms de métiers (Boulanger, Carrier), entre autres.

Toutefois, quand le nom de famille est identique, le lien génétique est d'autant plus fort. Voilà pourquoi, dans le cas qui nous occupe, nous allons privilégier le lien entre GL-DL, à celui de GL-JW. Surtout que nous en avons appris beaucoup plus à propos de DL. Et que la distance DL-JW est la même.

John R. Long, l'ancêtre de DL, est né vers 1815. John est allemand. Né en Allemagne ou aux EU ? Il semble bien que ce soit aux EU. Toutefois une descendante, Leslie Wright Bagwell, m'a transmis copie du billet suivant : Il est dit : *«Sybilla Long Hughes was born Feb 16, 1850 in Eary co Penn. Fathers name was John R Long Born in Germany. Mothers name was Sarrah Piper born in Englan.»* Sybilla était la fille du John R. Long. (Après verification auprès de Leslie, *Eary co* signifie *Erie county*.)



Deux éléments importants à retenir: la Pennsylvanie, mais surtout «born in Germany». Que John soit né en Allemagne ou aux EU, il est bel et bien allemand d'origine. D'ailleurs, plusieurs membres de la famille immédiate de DL parlent encore l'allemand aujourd'hui.

Alors si DL est de descendance allemande, et que, lui et moi (GL et DL) avons un ancêtre commun, ça veut donc dire que nous, les descendants de Philip Long, sommes de descendance allemande également.

JOHN R. LONG



(Photo courtoisie de Leslie W. Bagwell)

Du côté génétique : notre haplogroupe I est germanique, on l'a vu. De l'autre côté, nous avons un ancêtre commun germanique qui aurait vécu entre 300 et 600 ans passés. Où ? En Allemagne, si l'on parle de 600 ans passés. Aux EU ou encore en Allemagne, si l'on parle de 300 ans.

La descendance allemande, c'est du solide. À tel cas, ce pourrait être un Lang (ou Lange), car ils sont plus nombreux que les Long en Allemagne. Il faut savoir que les Lang, en arrivant aux EU, changeaient presque systématiquement leur nom en Long. Pour s'intégrer plus facilement à leur

nouveau milieu, ou encore par souci de prononciation, car pour eux Lang ne se prononce pas *Lingue,* mais plutôt *Lung*. Il y avait même des Lang qui adoptaient Lung plutôt que Long , mais en moins grand nombre. Mais notre histoire familiale attribue, chez certains, une origine écossaise à notre ancêtre Philip. Cela me semble peu probable, si l'on tient compte de ce que la génétique nous dit, en plus de ce que nous révèle notre parenté avec la descendance de DL. Une hypothèse : si Philip est né en Allemagne, il a pu venir aux EU en passant par l'Angleterre comme il était courant à l'époque. Mais né en Écosse ? Les chances sont minces. Mais on ne peut l'exclure totalement. À son mariage, au moins deux de ses témoins étaient de descendance écossaise. C'est peut-être ce fait qui a amené Mgr Lang, entre autres, à dire que Philip était écossais. Toutefois le lien avec Philadelphie est conforté, à la fois, par DL et JW.

Une découverte de Donald Long nous rapporte que, lors de son passage, chez Philip Long au Lac Témiscouata, en 1816 je crois, John Mann avait noté que tout le monde dans la maisonnée parlait français, la langue de la maîtresse de maison. Toutefois Mann, un Écossais, n'a jamais mentionné que Philip *(the Old Gentleman,* comme il dit*)* pouvait être de la même ethnie que lui. Si Philip avait été un Écossais, Mann l'aurait à coup sûr souligné, selon Donald. Bon point.

Que l'on écrive son nom Long ou Lang, nous, les descendants de Philip Long, faisons partie, également, de la même branche de l'arbre génétique, soit

L'HAPLOGROUPEI I. Ce qui signifie que nous sommes, les Long et les Lang, de la même famille. Nous portons la même signature génétique, celle de Philip Long. Notre premier ancêtre commun, I-M170[49], était originaire des Balkans, en

[49] Le premier à porter cette mutation est né vers 43 000 BP. Mais on indique toujours date du dernier ancêtre commun comme date d'origine. Dans notre cas, le dernier ancêtre commun de I-M170 est de ce fait âgé de 28 000 ans.

Europe centrale. Avec d'autres, il était arrivé là par voie, soit de la Turquie, soit de l'Ukraine. Ils étaient des migrants.

Ils provenaient du Moyen-Orient ; ils s'y étaient retrouvés parce que leurs ancêtres avaient laissé l'Afrique, soit en traversant la mer Rouge au Sud, soit en traversant le Sinaï au Nord. Ils étaient des migrants.

En Afrique, ils y sont demeurés longtemps, très longtemps. Leur vieil ancêtre, Toumaï, avait semble-t-il vu le jour, il y a 7 Ma. Ils avaient migré eux aussi, mais à l'intérieur du continent africain.

Une vie qui, à l'origine est descendue des arbres, pour ainsi dire, et qui s'est mise à marcher, pour pouvoir aller plus loin, pour migrer.

Nos ancêtres immédiats, partis du continent européen pour venir s'établir en terre nord-américaine ; ils étaient eux aussi des migrants.

En définitive, nous sommes tous des migrants, à la poursuite du gibier pour nos ancêtres lointains ; à la poursuite d'une vie meilleure pour nos ancêtres plus récents. Nous sommes, tous et toutes[50], fils et filles de migrants et de migrantes.

Bientôt le 5e volet de notre odyssée. (À jour, le 14 juin 2017, par GL)

[50] Et non pas *toussez toutes*. Petit jeu de mots facile pour terminer.

GILLES LONG

D'OÙ EST-CE QUE JE PROVIENS ?



-5-

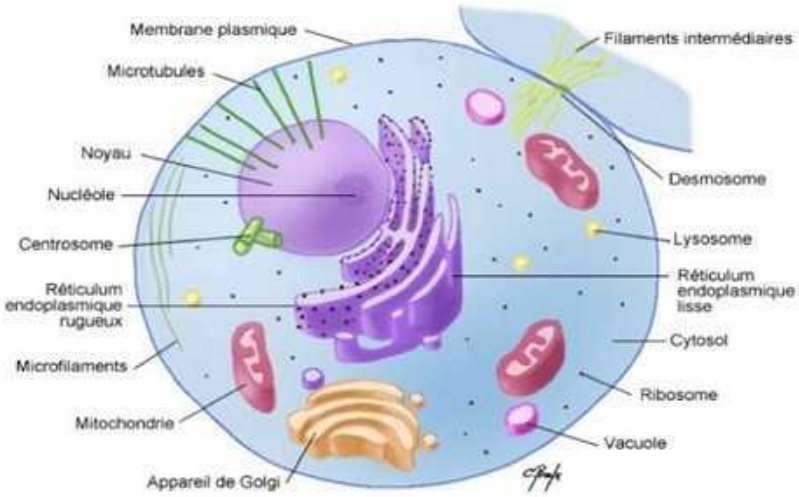
LA LIGNÉE MATERNELLE

(HAPLOGROUPE H : 20 000 BP)

1 – ADN MITOCHONDRIAL

Contrairement à l'ADN-Y, l'ADN mitochondrial (ADMmt)[51] ne provient pas du noyau de la cellule, mais des mitochondries, organites énergétiques situées dans le cytoplasme de la cellule.

Composé de 16 569 paires de nucléotides, l'ADNmt est petit lorsque comparé à l'ADN-Y, lequel contient 60 millions de paires de base.



(Source : Google images)

C'est l'ovule provenant de la mère qui transmet cet ADN à sa descendance (filles et garçons). En effet, le spermatozoïde ne lègue que son noyau au moment de la fécondation.

L'ADN mitochondrial est donc composé uniquement du patrimoine génétique de la mère, sans contribution du père. L'ADNmt ne peut servir pour un test de paternité, évidemment.

Par contre, dans le cas de découvertes d'ossements, et compte tenu de sa moins grande susceptibilité à la dégradation, l'ADNmt se révèle souvent plus utile que l'ADN-Y.[52]

---

[51] Références : Wikipedia, *ADN mitochondrial*, et Eupedia.com, *Le génome humain*.

[52] Référence : Dr Y. Dessains (CNRS - France)

En somme, l'ADN-Y nous fait connaître notre lignée *patrilinéaire* (paternelle), tandis que l'ADNmt sert à identifier notre lignée *matrilinéaire* (maternelle).

Pour illustrer, vous me permettrez de prendre l'exemple de ma mère. (Vous pouvez faire le même exercice avec le profil de votre propre mère).

Léonie Cyr a transmis son ADN mitochondrial à tous ses enfants (filles et garçons). Toutefois, les garçons ne le transmettront pas. Seulement les filles transmettront l'ADN mitochondrial à leurs enfants (filles et garçons).

Ainsi… Léonie Cyr a reçu son ADNmt de sa lignée maternelle, dans l'ordre suivant :
Catherine Sirois > Séraphine Martin > Clarisse Landry > Madeleine Violette > Anne Guilbault > Marguerite Cormier > Françoise Melanson > Marie Bourgeois.

Seulement les descendantes de Léonie Cyr continueront la transmission de l'ADNmt.

Que se passe-t-il dans mon cas ?[53] J'ai reçu de ma mère le même ADNmt que mes sœurs, mais il m'est impossible de le transmettre à mes enfants. Mon haplogroupe maternel est H. Si mes enfants veulent connaître le leur, l'un des 3 devra passer un test ADNmt, car *leur* mère n'est pas *ma* mère.

J'ai 2 garçons et une fille. Mes garçons sont du même haplogroupe ADN-Y que moi, i.e. Hg I. C'est le père qui transmet la lignée paternelle. Ma fille, pour connaître sa lignée paternelle, n'a qu'à demander à son père ou à un frère, si l'un ou l'autre a passé un test ADN-Y.[54]

Je sais que ma lignée maternelle est Hg H, car j'ai passé le test ADNmt approprié. Je me répète à dessein. Mais je ne sais pas de quelle lignée maternelle était la mère de mes enfants. Seul un test ADNmt passé par un de mes 3 enfants pourrait le dire.

---

[53] Ce serait la même chose pour vous si vous êtes un père.
[54] Un test de base tel le *Y12* de FTDNA peut suffire.

2 – RÉSULTATS, TESTS ADNmt

Comme dans le cas de l'ADN-Y, nous avons des haplotypes et des haplogroupes mitochondriaux.

HAPLOTYPE

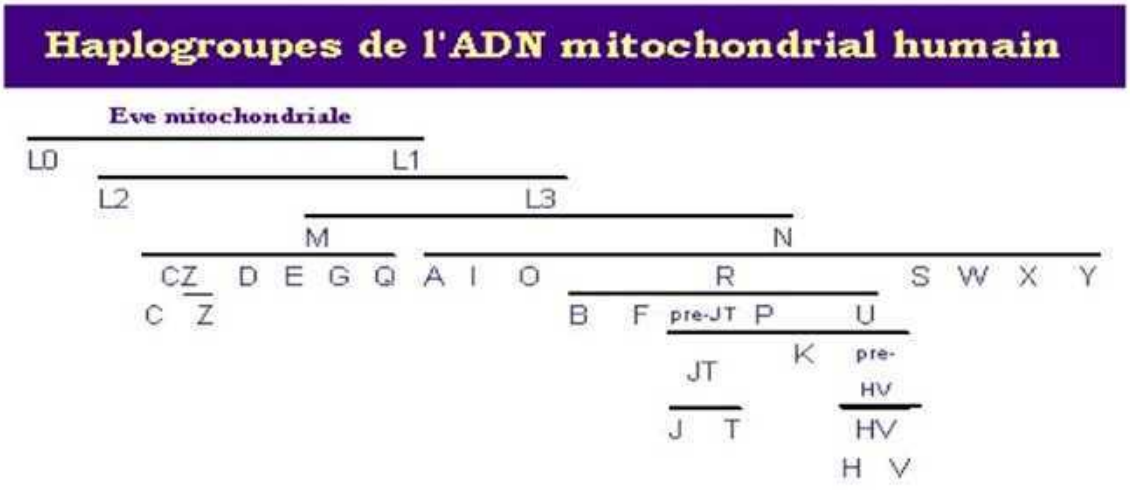
Un haplotype ADNmt est normalement déterminé par la (ou les) mutation, lorsque comparée à la séquence CRS.[55] Un haplotype, c'est le portrait génétique d'une personne.

Dans mon cas, le test HRV1 révèle une mutation à la position 16126. À cet endroit, mon ADNmt enregistre un nucléotide C (cytosine) au lieu d'un T (tymine), comme le prévoit la séquence de référence CRS.

Mon 2e test, HRV2 identifie 2 autres mutations : à la position 152, C au lieu de T; à la position 263, G (guanine) au de A (adénine).

Mon haplotype est donc : 1626C, 152C, 263G
Mon haplogroupe : H

HAPLOGROUPE



(Source : Google images)

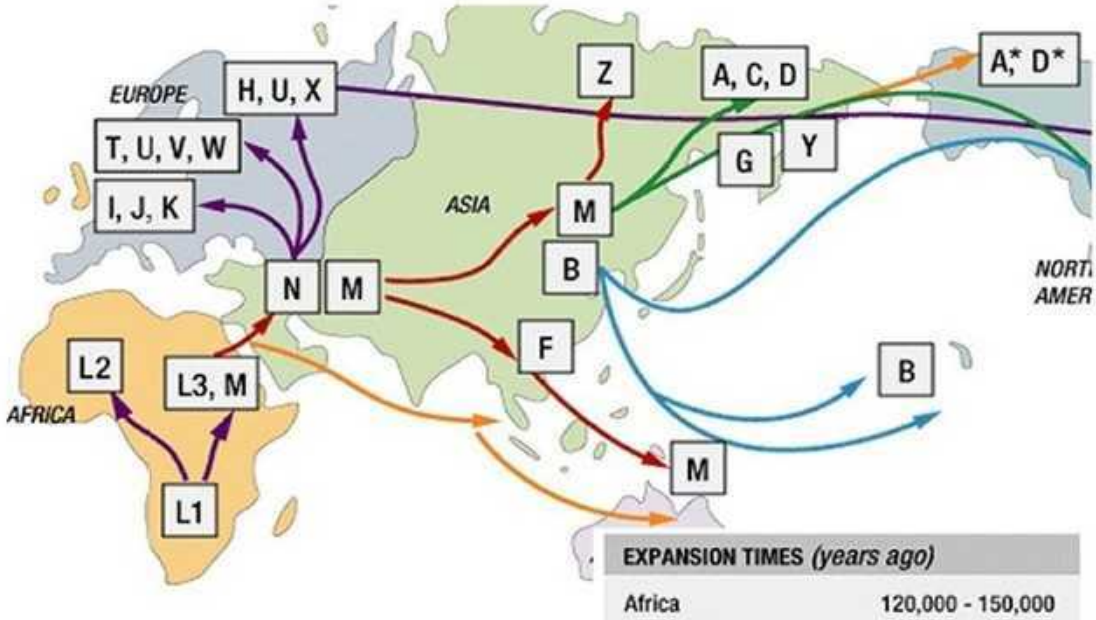
[55] CRS = *Cambridge Reference Sequence*. CRS est une mesure étalon, sans mutation.

En se référant au tableau de la page 3, pour se rendre à Hg H, à partir d'*Ève mitochondriale*, il faut passer par L1, L3, N, R, Pré-HV, HV et H.

Comme Adam *chromosomal*, Ève *mitochondriale*, aussi appelée *Ève africaine*, est originaire d'Afrique de l'Est. Elle aurait vécu de 150 000 à 200 000 ans passés. Elle est donc la seule de la descendance féminine qui soit parvenue jusqu'aujourd'hui. Elle se situe tout en haut de la pyramide matrilinéaire (maternelle).

Ève n'a pas existé au même moment qu'Adam. Sa descendance pyramidale est plus ancienne que celle d'Adam. Et ils n'ont rien à voir avec le couple Adam et Ève de la Bible. Il peut y avoir méprise avec l'emploi de la même terminologie, tout le monde en convient.

Ils n'étaient pas les seuls à exister dans leur temps; leurs «pyramides» ont tout simplement commencé à des époques différentes. Ils ne se sont donc jamais connus.



EXPANSION TIMES *(years ago)*	
Africa	120,000 - 150,000
Out of Africa	55,000 - 75,000
Asia	40,000 - 70,000
Australia/PNG	40,000 - 60,000
Europe	35,000 - 50,000
Americas	15,000 - 35,000

(Source : FTDNA)

Nous nous intéresserons ici surtout à l'haplogroupe H. La carte de la page précédente nous fait bien voir le parcours de ces ancêtres matrilinéaires. Faire attention aux dates, lesquelles sont toujours de larges approximations.

L 1 : Ce premier haplogroupe descend directement d'Ève mitochondriale. Originaire de l'Afrique de l'Est, il apparaît vers 150 000 à 200 000 BP.

L 3 : Apparu en Afrique vers 80 000 BP, il sera le premier à sortir d'Afrique. Il donnera naissance aux macrohaplogroupes M et N, lesquels ont peuplé le reste du monde.

N : Cet énorme haplogroupe couvre plusieurs continents; en particulier l'Europe et l'Océanie. Il existe probablement depuis un bon 80 000 ans lui aussi.

R : Il a pour origine le Proche-Orient, au plus tard vers 55 000 BP. Il arriva en Europe en 35 000 BP.

Pré-HV : Ancêtre de HV, Pré-HV est né au Moyen-Orient, voilà 35 000 ans. Certaines de ses représentantes revinrent en Afrique après coup.

HV : L'on estime que cet haplogroupe se dispersa par toute l'Europe vers 20 000 BP. De HV descendent H et V. Ces deux derniers haplogroupes comptent pour plus de 50% de tous les lignages maternels européens.

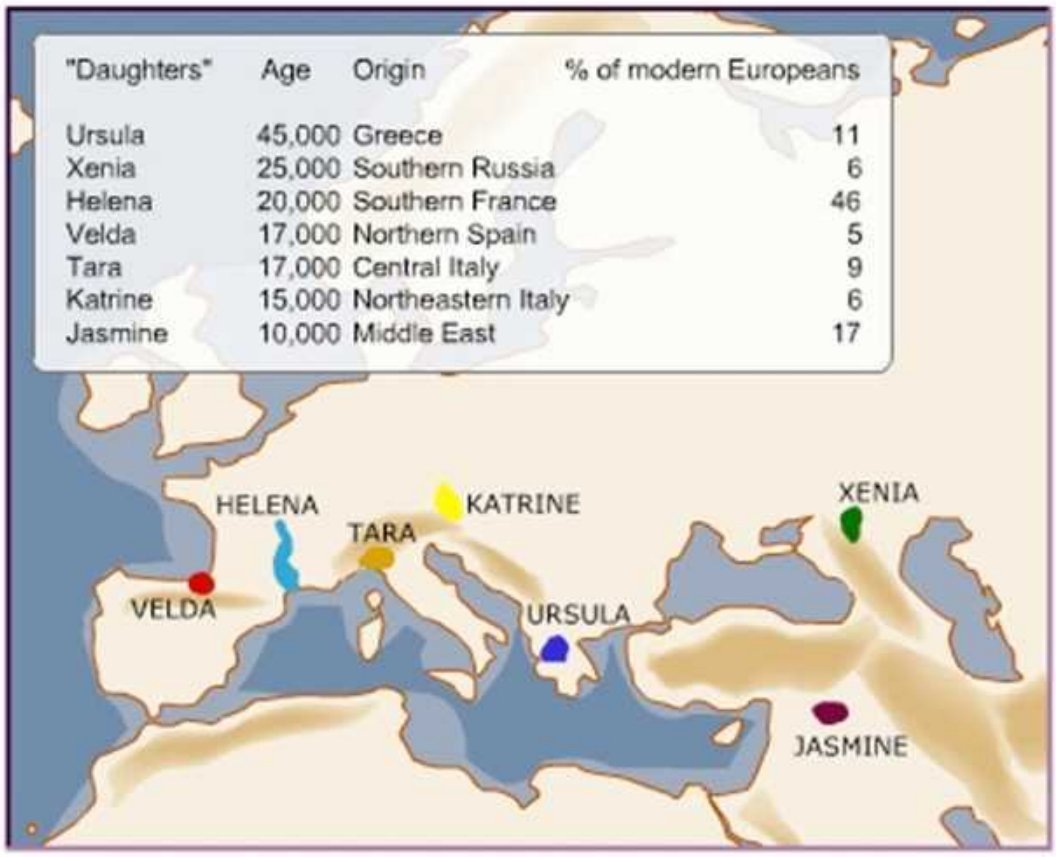
H : Il est arrivé en Europe de l'Ouest, en provenance du Moyen-Orient, il y a environ 20 000 ans. Hg H est le plus large bassin d'ADN mitochondrial parmi la population européenne, 40 à 47%.

3 – LES 7 MÈRES D'EUROPE

En l'an 2000, le généticien Bryan Sykes, professeur à l'Université d'Oxford, publie un essai dans lequel il se propose de reconstituer la généalogie des Européens. Dans son ouvrage intitulé *Les sept filles d'Ève,*[56] Sykes soutient,

[56] Volume publié originellement sous le titre *The Seven Daughters of Eve*.

sur la base d'un large échantillonnage, que 95 à 97% des Européens descendent de 7 «mères de clans» qu'il baptise Ursula, Héléna, Velda, Tara, Katrine, Xénia et Jasmine. Il en arrive à ces prénoms en se servant des lettres identifiant les différents haplogroupes : U, X, H, etc… Hg H devient ainsi HÉLÉNA.



(Source : Google images)

Pendant longtemps l'on a cru que les premiers habitants d'Europe descendaient des agriculteurs provenant du Croissant fertile, au Proche-Orient. Mais les plus récentes recherches démontrent le contraire : 80% des Européens ont pour ancêtres les chasseurs-cueilleurs du Paléolithique supérieur (40 000 à 8 000 BP). Parmi les 7 filles d'Ève, une seule Jasmine, la plus jeune née au Proche-Orient, appartient aux premiers agriculteurs du Néolithique.

Dans son livre, Sykes y va d'une intéressante description pour chacune.

HÉLÉNA (20 000 BP)

On le sait déjà, la fréquence de l'haplogroupe H en Europe varie entre 40 et 47%. Hg H possède de nombreux sous-clades. Je suis H14b1. Aujourd'hui, il est surtout en Iran. Ce sous-clade (sous-groupe) H14b1 s'est établi en Iran et dans le Caucase avant de se rendre en Europe, il y a 20 000 ans. Ce qui suit nous renseigne sur l'haplogroupe H après son arrivée en Europe.

Héléna (haplogroupe H) est originaire des Pyrénées orientales, mais cette branche existait déjà au Proche-Orient , 35 000 ans passés. Cette ancêtre maternelle vivait dans la région de Perpignan, au temps des chasseurs-cueilleurs. La présence humaine dans les Pyrénées, remonte à 800 000 BP, avec Homo antecessor à Atapuerca (Nord de l'Espagne), et avec l'Homme de Tautavel, un Homo erectus, vers 450 000 BP.

Héléna est née à la période gravettienne, époque de l'art pariétal. Il faut savoir que l'homme de Néandertal habita dans les Pyrénées, lui aussi, avant d'y être remplacé par Homo sapiens.

Voici une description du temps d'Héléna tirée d'un petit recueil, *La Préhistoire,* [57]

«Imaginons des petits groupes de 20 à 30 personnes vivant en campements mobiles, éparpillés sur de très vastes territoires, qui se procurent à manger en chassant des animaux et en cueillant des plantes sauvages. Les seuls objets, très peu nombreux, possédés par une personne, sont ceux qu'elle est capable de porter : quelques vêtements, des instruments pour la chasse, la préparation des aliments ou l'allumage du feu.

Les rennes étaient les animaux le plus couramment chassés. Contrairement à ce qu'on pourrait penser, les milieux froids de l'ère glaciaire, riches en grands animaux, furent de véritables paradis pour les chasseurs préhistoriques.

---

[57] Édition du Sorbier, Paris, 2000.

Dans ces groupes anciens, il n'existe pas de métiers diversifiés, de maîtres ni de serviteurs, car tous savent accomplir plus ou moins les mêmes choses. Les hommes se consacrent à la chasse et les femmes à la collecte des herbes, fruits, graines et racines.

La supériorité physique masculine ne se traduit pas obligatoirement en supériorité sociale. L'une des raisons en est certainement le fait que la nourriture procurée par les femmes représente, en général, plus de la moitié des calories nécessaires. Par le passé, on pensait que la vie des chasseurs-cueilleurs était dure, dangereuse et menacée de famine. Des études plus récentes ont, en fait, montré qu'elle a été, par certains côtés, bien meilleure que celle qui fut le lot de l'humanité au cours des millénaires qui ont suivi l'invention de l'agriculture.»

VELDA (17 000 BP)

Velda fait aussi partie des chasseurs-cueilleurs, tout comme Héléna. Hg V est le plus petit des 7 filles d'Ève; seulement environ 5 % en Europe. Velda est originaire du Nord-Ouest de l'Espagne. Sa descendance se trouve aujourd'hui au Nord de l'Europe, en Finlande et dans la partie nord de la Norvège.

TARA (17 000 BP)

Tara ne compte que pour environ 10% de la population européenne. Plusieurs sous-clades, comme dans le cas d'Héléna. Large distribution au Sud et dans la partie ouest de l'Europe. Tara vécut il y a 17 000 ans au Nord-Ouest de l'Italie, en Toscane, le long de l'estuaire de la rivière Arno. Aujourd'hui, ses descendantes sont nombreuses en Irlande et en Grande-Bretagne de l'Ouest.

URSULA (45 000 BP)

La plus âgée parmi les 7 mères européennes. Originaire de la Grèce. Elle faisait certainement partie des premiers Homo sapiens, les Cro-Magnons comme on les appelle, à s'installer en Europe il y a 45 000 ans. Environ 11% de la population européenne en descend. Cet haplogroupe U est surtout

bien représenté en Grande-Bretagne de l'Ouest et en Scandinavie.

XÉNIA (25 000 BP)

Xénia nous provient du Sud de la Russie. Elle est née à l'époque du DMG (dernier maximum glaciaire). Elle était de la deuxième vague de Sapiens à s'établir en Europe. Aujourd'hui, environ 7% d'Européennes en descendent. Elles sont largement confinées à l'Europe de l'Est et à l'Europe centrale. Mais elles se sont quand même rendues aussi loin que la France et la Grande-Bretagne. À noter que 1% des autochtones américains se réclame du Hg X.

KATRINE (15 000 BP)

Un autre jeune et petit haplogroupe, celui de Katrine. Il vient du Nord-Ouest de l'Italie, la Vénétie. Ses descendantes s'y trouvent encore aujourd'hui. D'autres se sont rendues jusqu'au centre et au Nord de l'Europe.

JASMINE (10 000 BP)

La cadette, Jasmine provient du Moyen-Orient. La seule, parmi les 7 mères, à ne pas faire partie des chasseurs-cueilleurs, mais plutôt des premiers agriculteurs arrivés en Europe. Cet haplogroupe a migré vers l'Europe à partir de 8500 BP. Jasmine peut de ce fait compter une importante descendance de 17% en Europe.

Nous avons accordé plus d'importance à Héléna pour deux raisons. (1) Parce qu'elle est mon ancêtre matrilinéaire (maternelle), (2) parce qu'elle est l'ancêtre la plus présente chez les Canadiennes françaises.

4 – LES 37 MÈRES DU MONDE

Toujours selon Bryan Sykes, toutes les femmes sont les descendantes de 37 «mères», réparties à travers le monde; en incluant les sept Européennes.

Afrique : **Ève mitochondriale, Layla, Latifa, Lungile, Lila, Lubaya, Limber, Lingaire, Makeda, Lalamika, Lamia, Ulla, Latasha.**

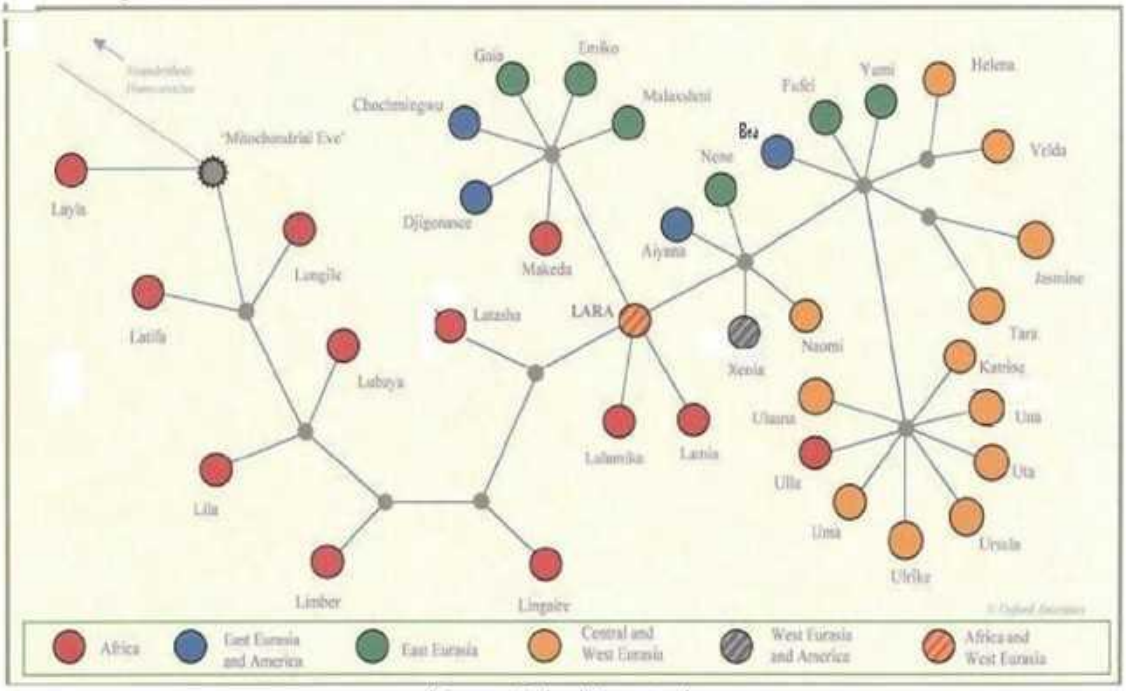
Eurasie Est : Djigonasee, Chocmingwu, Aiyana, Bea.
Et Amérique

Eurasie Ouest : Naomi, Ulaana, Uma, Ulrike, Ursula, Uta,
Et centrale Una, Katrine, Tara, Jasmine, Héléna, Velda.

Eurasie Ouest : Xénia
Et Amérique

Eurasie Est : Gaia, Emiko, Malaxshmi, Nene, Fafei, Yumi.

Europe Ouest : Lara.
Et Afrique



(Source : Oxford Ancestors)

(À jour, le 24 juin 2017, par GL)