



Diversité génétique des populations et variation anthroponymique en Bretagne

Aude Saint Pierre¹, Daniel Le Bris², Anthony Herzig¹, Mael Jézéquel², Pierre Darlu³,
Karen Rouault¹, Le Folgoc Gaëlle¹, FranceGenRef consortium, FREX consortium,
Richard Redon⁴, Jean-François Deleuze⁵, Christian Dina⁴, Claude Férec¹, Emmanuelle Génin¹

¹: Univ Brest, Inserm, EFS, CHU Brest, UMR 1078, GGB, Brest, France; ²: Univ Brest, Centre de Recherche Bretonne et Celtique, EA 4451, UBO, Brest, France

³: UMR 7206 Eco-anthropologie et ethnobiologie, MNHN-CNRS-Université Denis Diderot, Paris, France; ⁴: Inserm UMR 1087 / CNRS UMR 6291 IRS-UN, Nantes, France; ⁵: Centre National de Recherche en Génomique Humaine (CNRGH), Direction de la recherche fondamentale, CEA, Institut de biologie François Jacob, Université Paris Saclay, Evry, France.

Contact: aude.saint-pierre@univ-brest.fr

Contexte: L'analyse des variations génétiques au sein de différents pays d'Europe a fourni des informations importantes sur l'histoire démographique et la structure des populations. Nos travaux (Saint Pierre A. et al. 2020) ont permis de mettre en évidence la présence d'une stratification génétique à l'échelle de la France qui pourrait refléter la diversité anthroponymique et géolinguistique en Bretagne (Le Bris D. 2014).

Objectif: En s'appuyant sur l'analogie entre le gène et le nom de famille, nous cherchons:

- Mesurer la richesse anthroponymique à partir d'indicateurs issus de la génétique des populations
- Étudier les concordances entre stratification génétique et diversité anthroponymique à la pointe de la péninsule armoricaine

Données génétiques: Panels FranceGenRef (FGR)

Critères strictes: Lieux de naissance des quatre grands-parents situés à une distance de 30 kilomètres. Le lieu de naissance de la grand-mère maternelle a été retenu pour les analyses.

Trois sources de données ont été utilisées:

- Cohorte GAZEL (www.gazel.inserm.fr)
- Cohorte PREGO (www.vacarme-project.org)
- Donneurs de sang du Finistère (CEPH, technologie Qiagen).

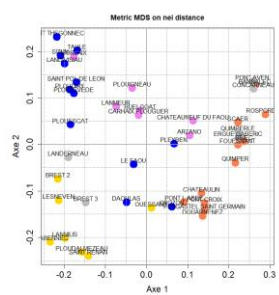
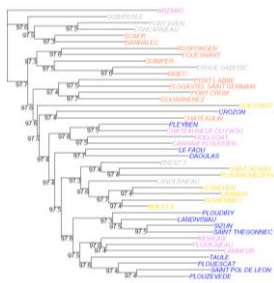
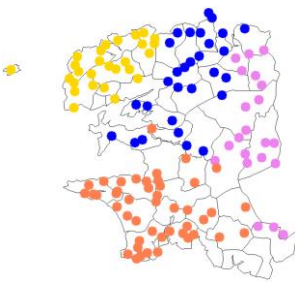
Protocole Illumina (CNRGH d'Evry, séquençage 30x). Le contrôle qualité (RAVAQ) a conduit à 197 individus échantillonnés en Finistère. Le clustering a été réalisé à l'aide du logiciel fineSTRUCTURE (Lawson et al, 2012).

Données anthroponymiques: Base de données INSEE

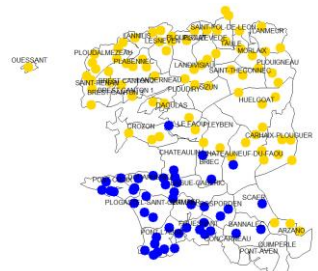
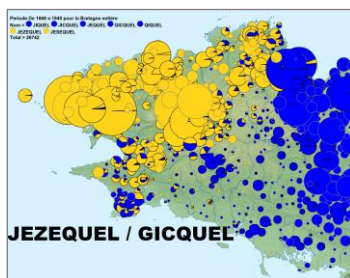
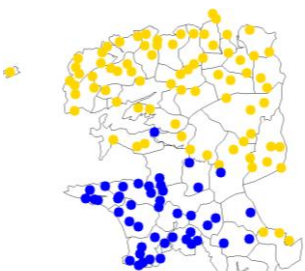
Noms de famille selon l'année et la commune de naissance sur la période 1891-1940. Après contrôle qualité, les données totalisent 553,030 naissances et 21,219 noms de famille en Finistère.

L'analyse en composantes principales (ACP) et l'arbre phylogénétique sont basés sur les proximités génétiques entre patronymes (distance de Nei, 1973).

L'arbre phylogénétique a été estimé par la méthode NJ (*neighbor joining*), la robustesse par bootstrap (10000 répliqués). L'analyse est réalisée à l'échelle du canton définie en 1884 (*Laboratoire de Recherche Historique Rhône-Alpes - LARHRA UMR 5190 – 2011*).



A/ Clusters identifiés par fineSTRUCTURE pour k=4 clusters B/ Arbre consensus obtenu par la méthode NJ avec spécification de la robustesse estimée par bootstrap
C/ Projection des distances anthroponymiques entre cantons sur le premier plan factoriel



A/ Clusters identifiés par fineSTRUCTURE pour k=2 clusters B/ Naissances sous anthroponymes Jézéquel / Gicquel de 1668 à 1940 C/ Noms des cantons en Finistère en 1884.

Perspectives et Conclusion

- Concordances entre les deux approches qui tendent à disparaître au fur et à mesure que le nombre de cluster augmente (résultats préliminaires)
- Approche multidisciplinaire offrant une approche complémentaire pour mieux comprendre l'histoire du peuplement de la péninsule armoricaine et ses répercussions sur la prévalence de certaines maladies génétiques plus fréquentes en Bretagne