
Comparaison des méthodes d'estimation de la parenté génétique en ADN ancien, via des simulations d'arbres généalogiques

A comparison of ancient DNA kinship estimation methods using pedigree simulations

Maël Lefeuvre, Céline Bon, Marie Claude Marsolier-Kergoat et Aline Thomas



Édition électronique

URL : <https://journals.openedition.org/bmsap/7101>

DOI : [10.4000/bmsap.7101](https://doi.org/10.4000/bmsap.7101)

ISSN : 1777-5469

Éditeur

Société d'Anthropologie de Paris

Référence électronique

Maël Lefeuvre, Céline Bon, Marie Claude Marsolier-Kergoat et Aline Thomas, « Comparaison des méthodes d'estimation de la parenté génétique en ADN ancien, via des simulations d'arbres généalogiques », *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* [En ligne], 33(S) | 2021, mis en ligne le 01 décembre 2020, consulté le 16 janvier 2025. URL : <http://journals.openedition.org/bmsap/7101> ; DOI : <https://doi.org/10.4000/bmsap.7101>

Ce document a été généré automatiquement le 16 janvier 2025.



Le texte seul est utilisable sous licence CC BY-NC-ND 4.0. Les autres éléments (illustrations, fichiers annexes importés) sont « Tous droits réservés », sauf mention contraire.

Comparaison des méthodes d'estimation de la parenté génétique en ADN ancien, via des simulations d'arbres généalogiques

A comparison of ancient DNA kinship estimation methods using pedigree simulations

Maël Lefeuvre, Céline Bon, Marie Claude Marsolier-Kergoat et Aline Thomas

- 1 La parenté biologique est un important facteur de structuration dans la plupart des sociétés humaines qui intervient dans de nombreuses coutumes, traditions et lois. Être en mesure de démêler les liens de parenté qui reliaient des individus du passé peut par extension participer à mieux comprendre le fonctionnement de leurs sociétés. De nombreuses méthodes tirent aujourd'hui profit de l'ADN autosomal pour retracer précisément ces liens. En effet, des individus génétiquement apparentés partagent par définition une partie de leur génome et la proportion de ces segments partagés, dits Identiques par Descendance (IBD), peut être calculée après séquençage. Cette approche s'avère néanmoins difficilement applicable au contexte archéologique, où l'ADN est quasi-systématiquement retrouvé en très faible quantité et sous forme dégradée : le séquençage génomique d'un grand nombre d'individus est par conséquent extrêmement coûteux. Quelques méthodes statistiques récemment publiées revendiquent cependant d'être en mesure d'estimer fidèlement la parenté biologique à partir d'ADN endommagé séquencé à très faible couverture. Caractériser les limites et les biais intrinsèques de ces nouvelles approches est pour autant une étape préliminaire indispensable avant leur utilisation. Notre étude a donc pour but de mener une analyse comparative standardisée entre trois méthodes distinctes afin d'évaluer leurs sensibilités respectives aux dommages et à la contamination. À cette fin, des simulations de génomes complets ont été effectuées à partir d'arbres généalogiques. Ces données génétiques ont ensuite été dégradées pour mimer de l'ADN ancien avant

d'être soumises aux différents programmes pour reconstituer les liens de parenté biologique jusqu'à trois degrés de séparation (cousins germains). Ce travail met non seulement en évidence un manque de spécificité pour certaines méthodes, mais montre également qu'il est envisageable, avec le programme "READ", d'estimer des liens de parenté biologique à partir de seulement 1700 marqueurs génétiques retrouvés en commun, pour un risque négligeable (<1 %) de faux-positifs.

AUTEURS

MAËL LEFEUVRE

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France

lefeuvre.m.p[at]gmail.com

CÉLINE BON

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France

MARIE CLAUDE MARSOLIER-KERGOAT

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France

CEA/DRF, I2BC/UMR 9198, SBIGeM, Gif-sur-Yvette, France

ALINE THOMAS

Unité Eco-anthropologie et Ethnobiologie (EAE) UMR 7206, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, Université Paris Diderot, Paris, France