

► comme pour les tests génétiques de santé, ce n'est pas l'ADN entier qui est analysé, mais des centaines de milliers de marqueurs SNP, les allèles identifiés chez l'individu testé sont cette fois comparés à la fréquence de ces mêmes allèles dans plusieurs populations vivant dans différentes régions du monde (voir l'encadré page 37).

L'EXPLOSION DU MARCHÉ DES TESTS SUR LES ORIGINES

Pour constituer une telle base de référence, les laboratoires de généalogie génétique utilisent les données publiques des grands projets de recherche internationaux explorant la diversité génétique de notre espèce tels que le projet *HGDP* (*Human Genome Diversity Project*), comptant 1000 individus issus de 51 populations, le projet *Hapmap* (1200 personnes de 11 populations) ou le projet *1000 Génomes* (2500 individus de 26 populations). En plus de ces panels publics, les laboratoires enrichissent leur base de référence avec les données génétiques collectées directement auprès de leurs clients (80% des utilisateurs de 23andMe autorisent le partage de leurs données, selon l'entreprise) ou auprès des clients des laboratoires concurrents. En témoigne le grand projet de collecte *One Family One World*, lancé en 2017 par la société britannique LivingDNA, qui encourage toute personne ayant déjà réalisé un test génétique à télécharger ses données brutes sur sa plateforme afin de constituer le plus large panel possible d'origines mondiales.

Enfin, certains laboratoires vont chercher directement sur place les échantillons d'ADN d'intérêt pour répondre à leurs problématiques spécifiques. C'est le cas de la société African Ancestry, spécialisée dans les origines africaines des Afro-Américains, qui dispose, dans sa base privée, de données sur plus de 200 populations ou ethnies vivant actuellement en Afrique. Certains laboratoires offrent d'ailleurs des kits gratuits aux individus dont les quatre grands-parents sont nés dans des régions sous-représentées dans leur base.

Ici se situe la première limite des analyses proposées: la précision et la fiabilité des résultats obtenus dépendent largement de la qualité et de la taille de la base de référence. Or, loin d'être exhaustives, ces bases ne contiennent qu'un nombre limité d'échantillons de personnes contemporaines, regroupées de façon arbitraire en ensembles géographiques ou ethniques sous le nom de «populations». De fait, le sens exact de ces «populations» varie d'un laboratoire à l'autre selon les critères utilisés pour les définir (nationalité, langue, territoire, religion, histoire). En 2008 déjà, la Société américaine de génétique humaine considérait que même les meilleures bases de données actuelles



ne représentaient qu'un échantillonnage médiocre de la diversité génétique humaine mondiale.

Aujourd'hui, les bases ont certes grossi, mais restent très insuffisantes. Ainsi, une jeune femme née au Vietnam et adoptée à l'âge de un mois qui souhaiterait connaître les ethnies dont elle pourrait être issue ne trouverait pas de réponse satisfaisante à ses interrogations, le panel le plus complet à l'heure actuelle ne distinguant qu'une seule origine pour le Vietnam sur la cinquantaine d'ethnies recensées dans ce pays. S'il paraît possible d'attribuer le génome d'une personne à un continent particulier avec une bonne probabilité statistique, tout résultat plus précis, comme la localisation dans un pays ou dans une ville, doit être considéré avec prudence.

Ce manque de fiabilité transparait dans les divergences de résultats obtenus pour un même ADN envoyé à différents laboratoires, comme en témoigne cet utilisateur anonyme le 22 janvier 2019, dans un commentaire sur le site *genealogy-genetique.fr*: «Force est de constater que l'interprétation de l'ADN n'est pas au point pour déterminer des origines par pays. Les divergences entre laboratoires sont sans appel. Pour l'instant la seule convergence des trois laboratoires est que je suis Européen à 100% et pas du tout Français.»

En plus de différer d'un laboratoire à l'autre, les résultats des tests sont susceptibles d'évoluer avec le temps au fur et à mesure de

Les vrais jumeaux ont des génomes très semblables... mais leur analyse par test génétique d'ancestralité peut se révéler surprenante. En 2018, les jumelles monozygotes canadiennes Charlise et Carly Agro ont indépendamment effectué les tests de cinq entreprises de généalogie génétique (AncestryDNA, MyHeritage, 23andMe, FamilyTreeDNA et LivingDNA). Malgré 99,6% des SNP étudiés retrouvés identiques chez les jumelles (confirmant, s'il était besoin, le fait qu'elles sont issues du même œuf), ces entreprises ont obtenu de curieuses différences ethniques. Par exemple, selon 23andMe, Charlise a 2,6% d'origines franco-allemandes, absentes chez Carly. Les résultats variaient aussi d'une entreprise à l'autre.