



ÉTUDE GÉNÉTIQUE DES HOMMES JUIFS SEFARADES ET MIZRAHI

Enquêteurs principaux: Brown, A. [1], Waas M. [2], Penninx, W. [3], Skorecki, K [4].

Résumé: Une étude sur des hommes qui ont prouvé leur ascendance paternelle parmi les membres des communautés séfarades et autres communautés non-ashkénazes du monde entier. Des signatures détaillées des séquences d'ADN du chromosome Y seront obtenues à partir de la cohorte. Il s'agit de la première étude génétique sur les descendants de ces communautés juives d'importance historique. L'étude peut également fournir des informations sur les origines génétiques de la communauté ibérique médiévale et peut-être révéler des personnes et des communautés à travers le monde de descendance séfarade.

Contexte: L'expulsion des Juifs des royaumes de Castille et d'Aragon en 1492 a été suivie de près de cent années de persécution, y compris des conversions forcées et volontaires. Un groupe d'exilés s'est déplacé vers les pays de la Méditerranée, principalement dans l'empire ottoman.

Cette étude vise à établir un panel de référence de signatures hautement résolues basées sur des marqueurs SNP du chromosome Y correspondant aux lignées paternelles ayant des origines généalogiques proches parmi les populations juives dans les autres régions du monde.

Hypothèse: Une étude de l'ADN sur les descendants masculins directs de la population juive identifiée, séfarade et *mizrahi*, servira d'outil de référence utile pour identifier la dispersion mondiale contemporaine de l'ancienne population juive ibérique dans d'autres régions du monde.

Objectif 1: À l'aide de techniques généalogiques standard, cette étude cherchera à identifier une cohorte d'au moins cinquante descendants documentés d'hommes juifs dont la lignée paternelle descend des communautés de la région indiquée ci-dessus.

Objectif 2: Une fois que les descendants juifs séfarades et *mizrahi* auront été identifiés et que les consentements auront été obtenus, l'étude collectera des frottis buccaux de tous les participants. Les écouvillons seront traités dans un laboratoire d'essais agréé, universitaire. Après l'amplification standard de l'ADN, l'assurance qualité et les techniques d'analyse, un sous-ensemble initial de séquençage complet du chromosome Y de l'échantillon sera effectué afin d'identifier de nouveaux variants SNP basse fréquence ou précédemment décrites qui délimitent une lignée donnée du chromosome Y. Le chromosome Y est transmis presque intégralement de père en fils, bien que des mutations uniques mais génétiquement limitées se produisent de temps en temps, rendant chaque lignée distincte de toute autre lignée et, partant, utile sur le plan généalogique. Ces SNP seront ajoutés à un panel standard d'au moins 100 marqueurs du chromosome Y pour le génotypage de l'ensemble des échantillons. L'étude inclura également l'analyse d'une série de marqueurs STR, étant donné que bon nombre des bases de données et des

publications généalogiques actuellement accessibles au public incluent de tels marqueurs STR dans leurs désignations de lignage.

Pertinence: une étude ADN peut donner un aperçu de la dispersion internationale de la communauté sépharade, ainsi que des origines génétiques de la communauté juive ibérique. Parallèlement aux recherches généalogiques conformes à la norme de généalogie, aux recherches historiques et à d'autres disciplines universitaires, cela peut servir de point d'ancrage à une étude plus approfondie des populations juives de l'ancienne péninsule ibérique. Étant donné le nombre relativement limité de générations, les marqueurs autosomiques correspondants dans cette cohorte pourraient servir à l'avenir de référence pour le mélange de population.

Soutien: L'étude génétique sur les hommes juifs sépharades est soutenue par la Fondation Avotaynu (New Haven, CT), l'Institut international de généalogie juive (Jérusalem) et la Fondation Brown (Teaneck, NJ).

Confidentialité:

Les informations recueillies pour cette étude sont uniquement à des fins de recherche pédagogique et historique. Aucune donnée d'importance médicale ne sera traitée ou obtenue et il n'y a aucune intention de commercialiser les résultats. Le programme peut contacter les participants pour obtenir des informations historiques dans le cadre de cette étude. Une fois l'étude terminée, une base de données publique associée à l'étude du répertoire le nom de famille de chaque participant, le nom et le lieu de naissance de son ancêtre masculin le plus éloigné, ainsi que les résultats de son ADN. Aucune information d'identification supplémentaire pour un participant ne sera partagée sans sa permission. Les participants seront informés de leur numéro de kit.

Enquêteurs principaux:

[1] Adam R. Brown, J.D., Administrator, AvotaynuDNA Project and Managing Editor, www.AvotaynuOnline.com, PO Box 30, Englewood, NJ 07631-0030 USA Email: Adam.Brown@AvotaynuDNA.org

[2] Michael Waas, M.A. candidate, University of Haifa, Department of Jewish History. Email:

[3] Wim Penninx, PhD., Delft University of Technology, Delft, Zuid-Holland, Netherlands

[4] Karl Skorecki, M.D., Rappaport Faculty of Medicine & Research Institute and Rambam Medical Center, Technion-Israel Institute of Technology Haifa, 31096 Israel