Association francophone pour le savoir

Acfas

Colloque *La démographie de demain: innovations, intersections et collaborations*, ACFAS, Montréal, 14-15 mai 2014

Analyse des caractéristiques généalogiques des participants au projet CARTaGENE

Marc Tremblay

UQAC

Université du Québec à Chicoutimi

Contexte

- Projet CARTaGENE: vaste enquête amorcée en 2009, visant à constituer une banque de données biologiques, physiologiques, sociosanitaires et sociodémographiques sur un échantillon représentatif de la population québécoise âgée de 40 à 69 ans.

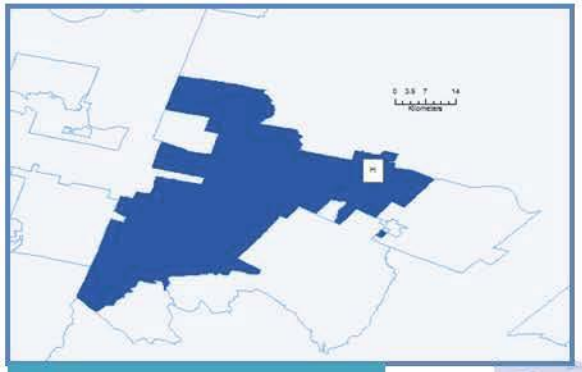
- Phase A (2009-2010): 20004 participants recrutés dans 4 régions.

- Phase B (en cours): 17000 participants recrutés dans 6 régions.

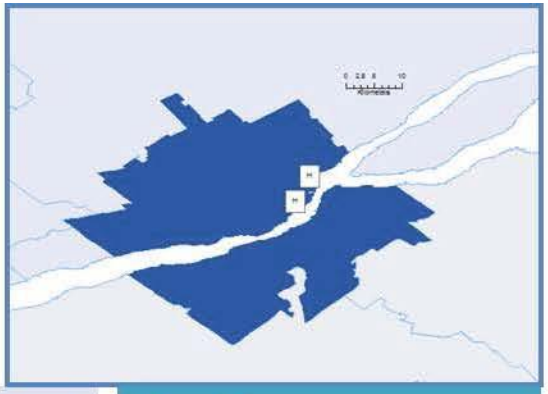
- Volet généalogique: possibilité de reconstitution des généalogies des participants, à l'aide des données du fichier BALSAC.

(Projet Cartagene 2014)

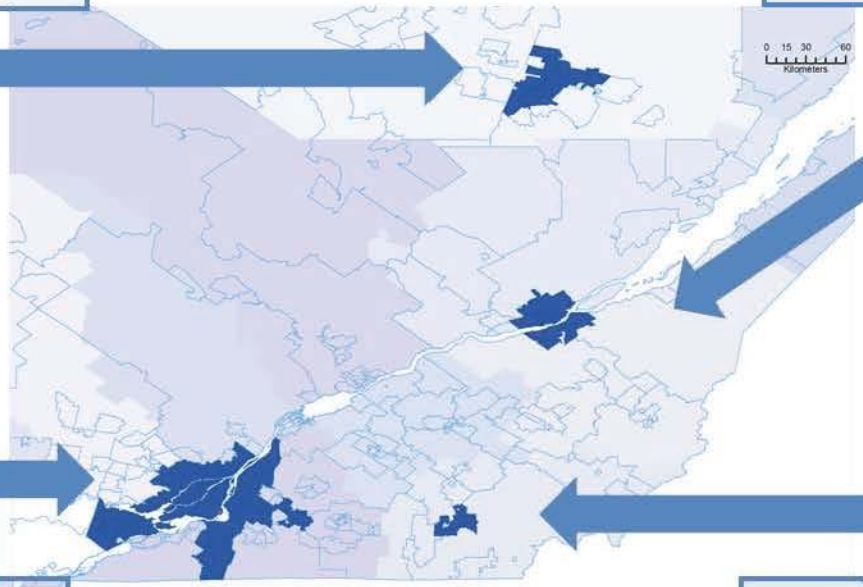
Phase A:
20004 participants



Saguenay
799 participants

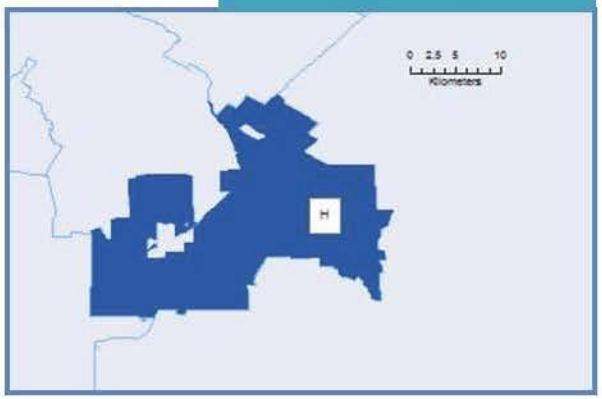


Québec
3 048 participants

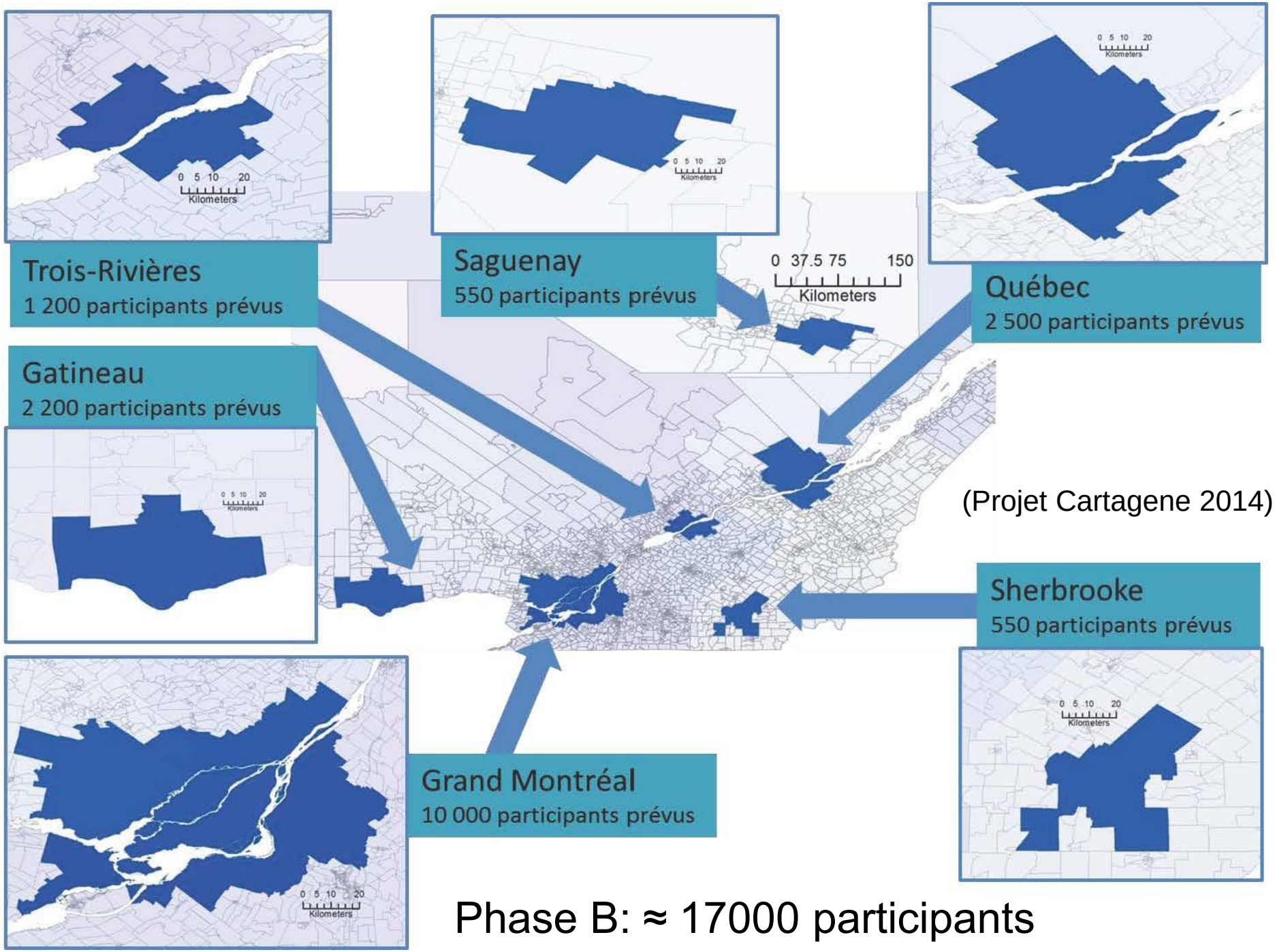


Grand Montreal
15 232 participants

Sherbrooke
925 participants



(Projet Cartagene 2014)



(Projet Cartagene 2014)

Phase B: ≈ 17000 participants

Répartition par groupe d’âge et sexe des participants à la phase A de l’enquête Cartagene

	groupe d'âge					
	40-54 ans		55-69 ans		total	
sexe	**n**	**%**	**n**	**%**	**n**	**%**
hommes	5483	27,4	4206	21,0	9689	48,4
femmes	6047	30,2	4268	21,3	10315	51,6
total	11530	57,6	8474	42,4	20004	100,0

(Projet Cartagene 2014)

Objectifs

- Reconstruire les généalogies ascendantes de tous les participants de la phase A de l'enquête CARTaGENE qui ont transmis les informations de base nécessaires.

- Tracer un portrait démogénétique de la population enquêtée, à partir des généalogies reconstruites.

- Caractériser et comparer les échantillons provenant des quatre régions enquêtées (Montréal, Québec, Sherbrooke et Saguenay).

- Jumeler les données généalogiques avec certaines données du questionnaire de santé (analyse des parcours migratoires).

Données

- 5095 sujets (25,5% des participants)
- Généalogies reconstruites jusqu'aux premiers ancêtres immigrants identifiés dans chaque branche
- Informations sur les dates et lieux de mariage des ancêtres identifiés.
- Informations concernant les origines des ancêtres immigrants

Les reconstructions généalogiques ont été effectuées selon les normes et procédures en vigueur au Projet BALSAC

(Lavoie et al. 2011; Projet BALSAC 2014)

Analyses

- Nombre et distribution des ancêtres identifiés dans les généalogies
- Complétude et profondeur des généalogies
- Caractéristiques des ancêtres immigrants
- Coefficients de consanguinité des sujets

Toutes la analyses ont été effectuées à l'aide du logiciel GENLIB (Projet BALSAC 2014)

Complétude et profondeur moyenne des généalogies

$$A_g / (N \cdot 2^g)$$

g = génération (génération des parents des sujets = 1)

A_g = nombre d'ancêtres connus à la génération g

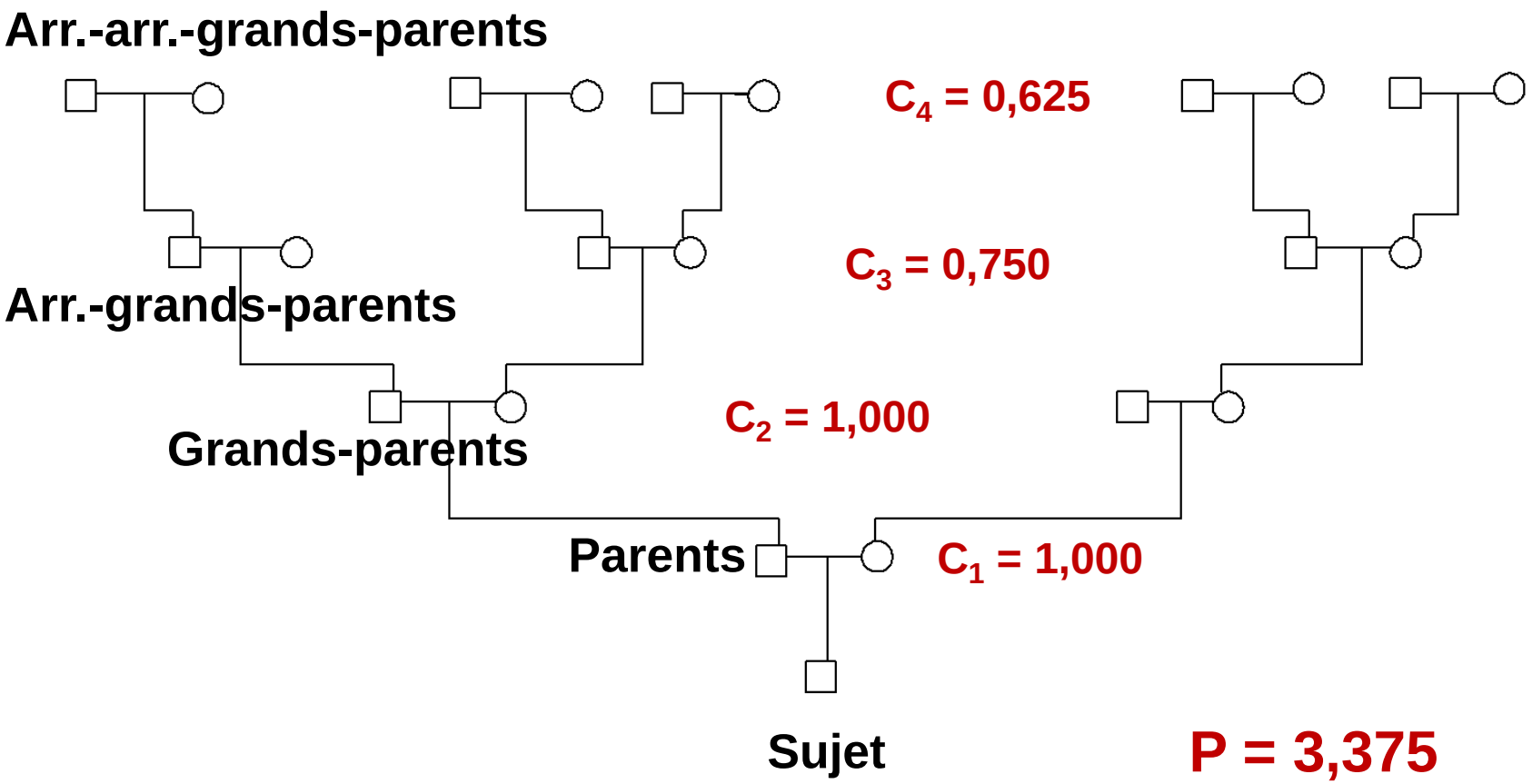
N = nombre de généalogies

La complétude correspond à la proportion d'ancêtres identifiés à chaque génération.

La somme des complétudes fournit la profondeur généalogique moyenne.

(Cazes et Cazes 1996; Jomphe et al. 2002)

Complétude et profondeur généalogique (exemple)

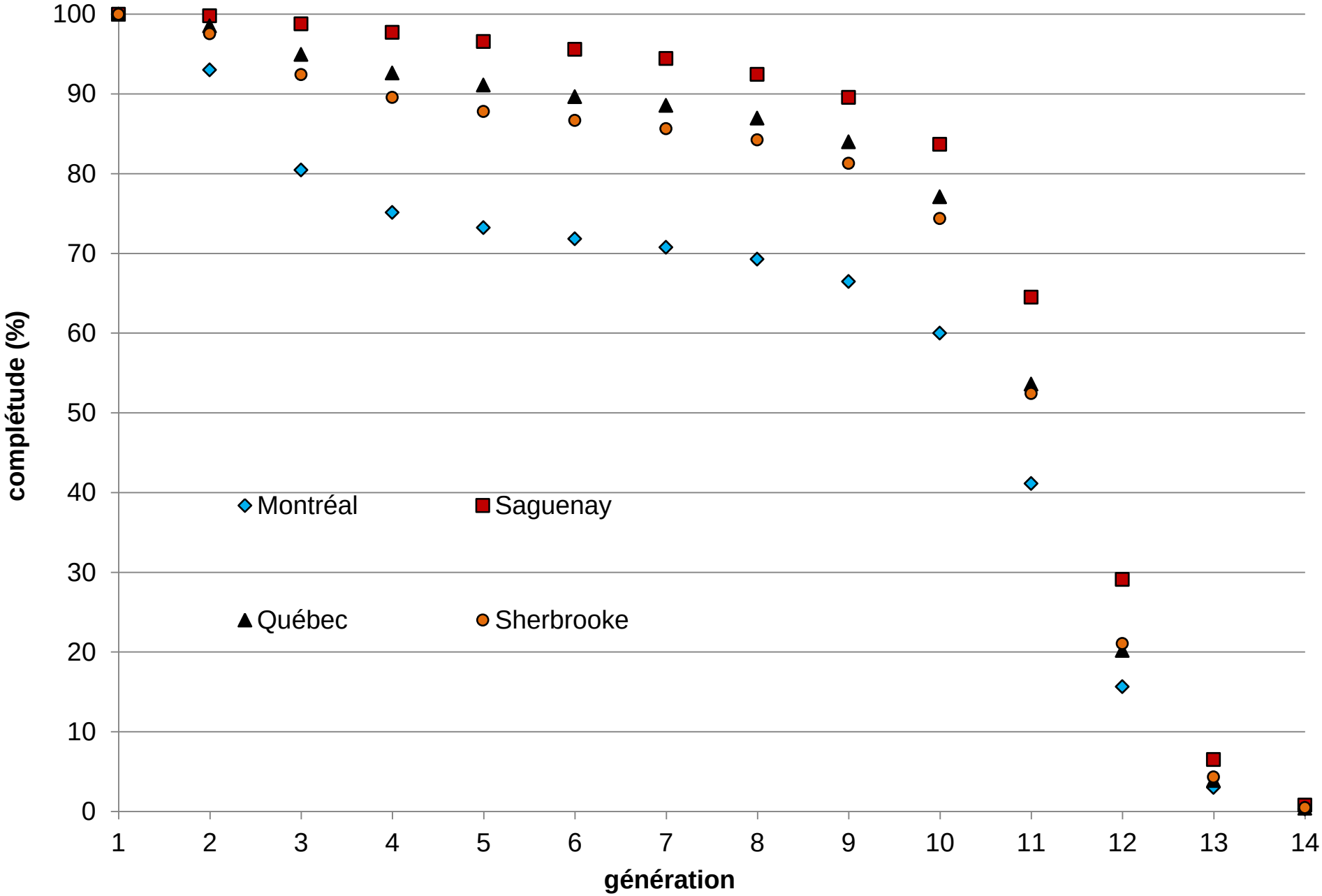


P = 3,375

Caractéristiques des 4 corpus généalogiques

	région			
	Montréal	Sherbrooke	Québec	Saguenay
Nombre de généalogies (1)	**3798**	**307**	**744**	**246**
Nombre de mentions d'ancêtres (2)	**11 793 744**	**1 227 765**	**2 967 466**	**1 227 562**
(2)/(1)	**3105**	**3999**	**3988**	**4990**
Profondeur moyenne des généalogies (nombre de générations)	**8,2**	**9,6**	**9,8**	**10,5**

Complétude des 4 corpus généalogiques



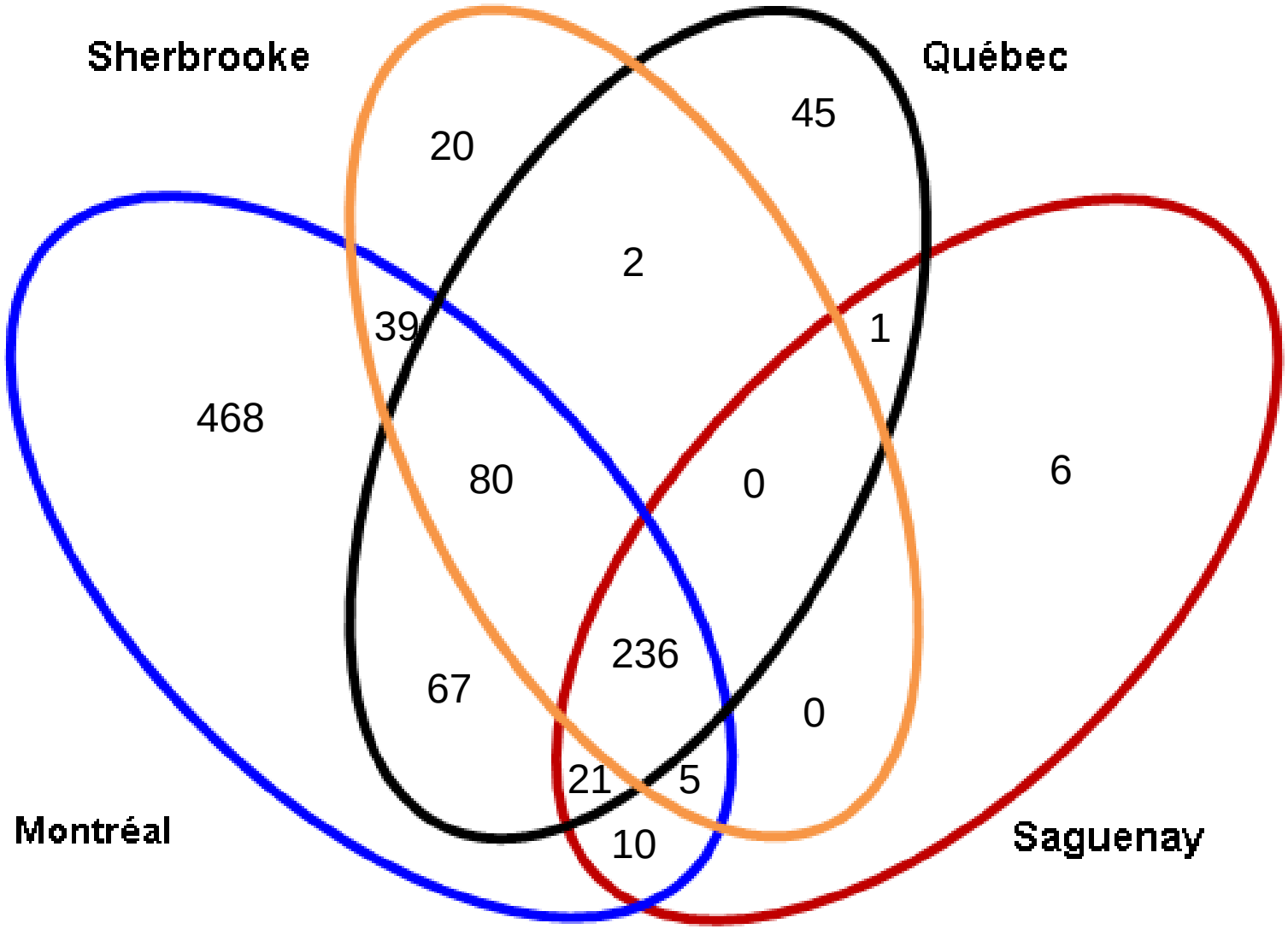
Nombre d'ancêtres immigrants identifiés dans les 4 corpus généalogiques

région			
Montréal	Sherbrooke	Québec	Saguenay
13815	**5692**	**6743**	**4162**

Au total, 14925 ancêtres immigrants ont été identifiés:

3522 (23,6%) sont communs aux 4 corpus régionaux
1577 (10,6%) apparaissent dans 3 des 4 régions
1767 (11,8%) apparaissent dans 2 des 4 régions
8059 (54,0%) sont spécifiques à une seule région.

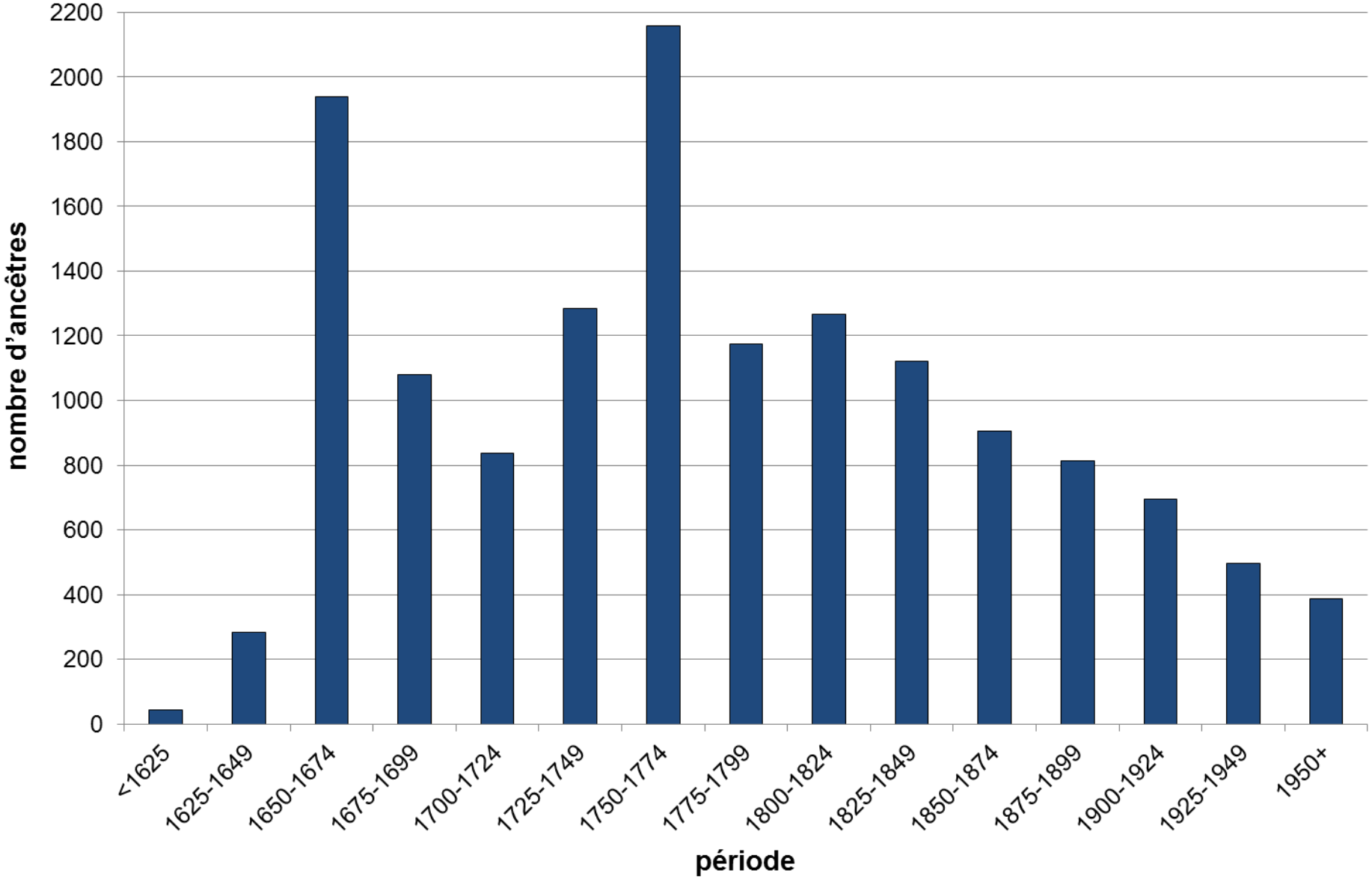
Distribution (‰) des ancêtres immigrants identifiés dans les 4 corpus généalogiques



Caractéristiques des ancêtres immigrants identifiés dans les 4 corpus généalogiques

	région			
	Montréal	Sherbrooke	Québec	Saguenay
nombre	**13815**	**5692**	**6743**	**4162**
rapport de masculinité	**1,8**	**2,3**	**2,3**	**2,1**
Année moyenne de mariage	**1775**	**1709**	**1722**	**1695**

Distribution des ancêtres immigrants selon la période de mariage



Coefficients d'apparentement (Φ) et de consanguinité (F)

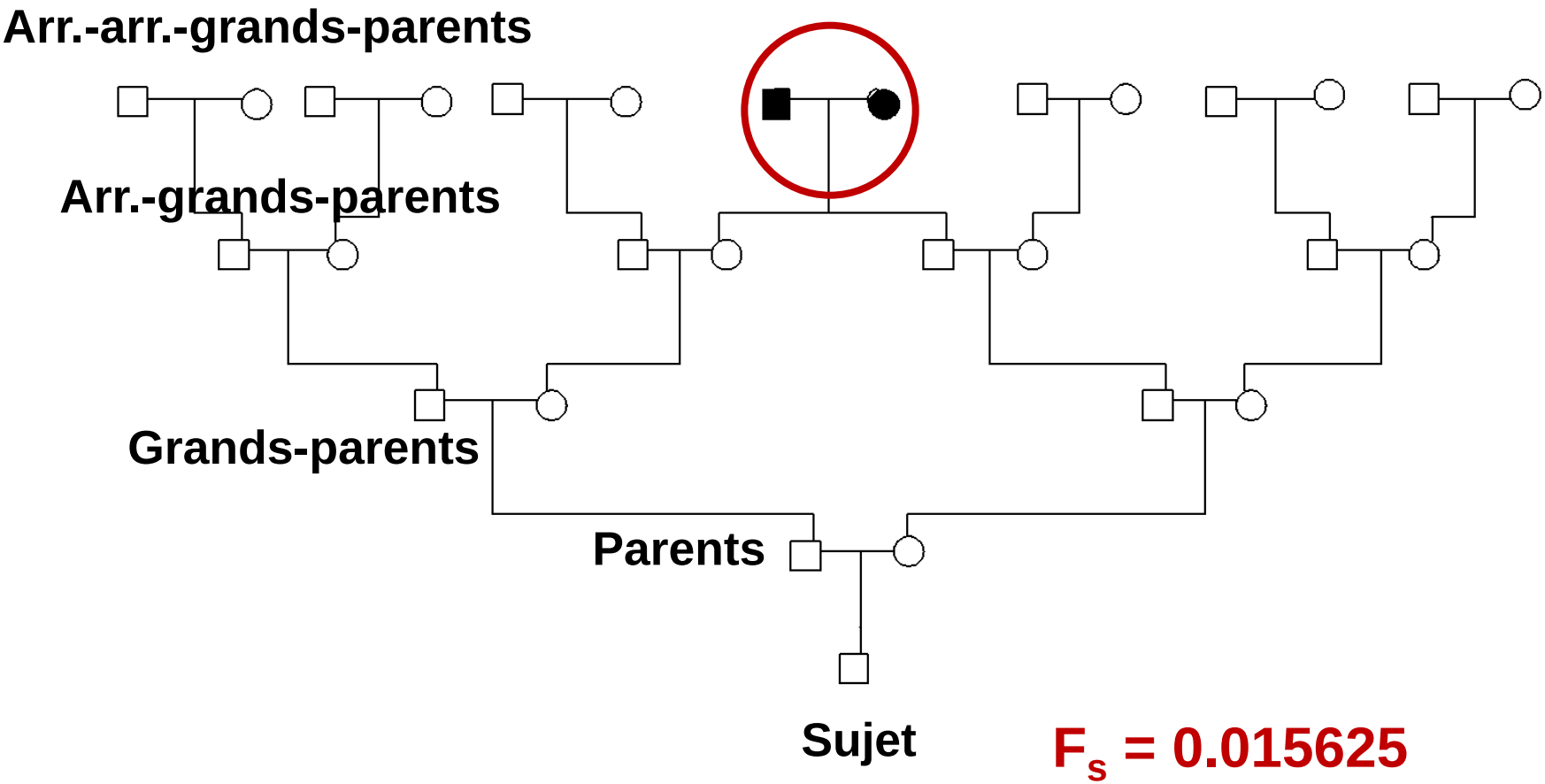
$$F_S = \Phi(P_S, M_S) = \sum_{b=1}^{N} (1/2)^{I_b} (1 + F_{Ab})$$

S = sujet
P_S = père du sujet
M_S = mère du sujet
N = nombre de boucles reliant P_S et M_S
I_b = nombre d'individus présents dans chaque boucle
A_b = ancêtre commun dans chaque boucle

Deux individus sont apparentés lorsqu'ils ont au moins un ancêtre en commun. La consanguinité chez un individu correspond à l'apparentement entre ses deux parents.

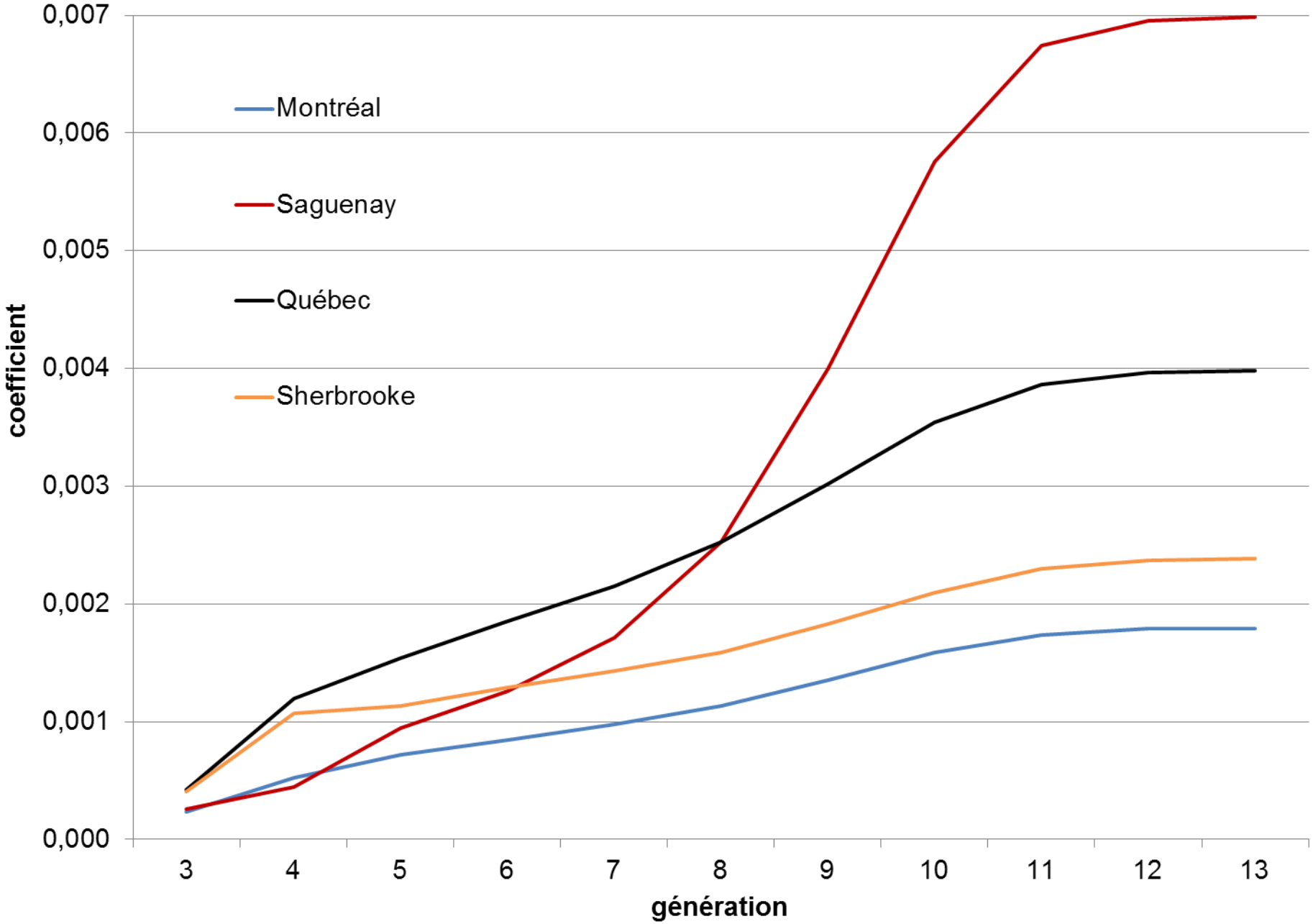
(Thompson 1986; Hartl et Clark 2007)

Apparentement et consanguinité (exemple)

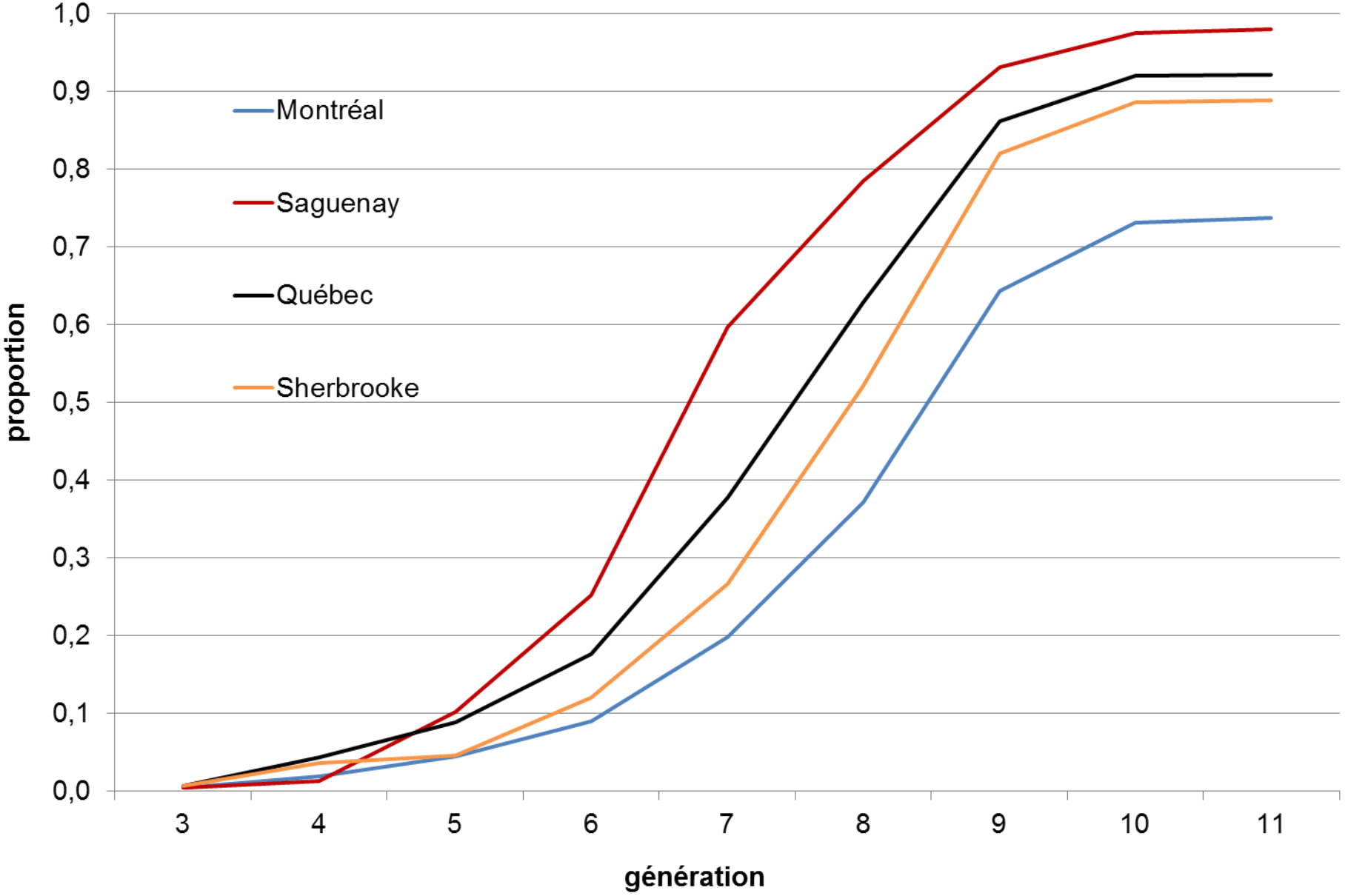


$F_s = 0.015625$

Coefficients moyens de consanguinité, par génération



Proportion de sujets consanguins, par génération



À suivre…

- Apparentements intra régionaux et interrégionaux
- Analyse des contributions génétiques ancestrales selon le sexe, la période d’immigration et l’origine
- Lignées paternelles et maternelles
- Histoires migratoires individuelles et intergénérationnelles

Remerciements

- Projet BALSAC:

  Jean-Sébastien Bournival
  Jocelyn Côté
  Michèle Jomphe
  Ève-Marie Lavoie
  Jacynthe Sabourin

- Étudiants:

  Angela Brunschwig
  Laurence Côté-Lavoie
  David Grant-Poitras
  Sara-Jeanne Lemieux
  Gabrielle Rouleau

- Organisme subventionnaire:

Social Sciences and Humanities Research Council of Canada

Conseil de recherches en sciences humaines du Canada

Canada

Références

Cazes MH, Cazes P (1996): Comment mesurer la profondeur généalogique d'une ascendance. *Population*, 51:117-140.

Hartl DL, Clark AG (2007): *Principles of Population Genetics*, Fourth Edition. Sinauer Associates, Sunderland, MA.

Jomphe M, Tremblay M, Vézina H (2002): *Analyses généalogiques à partir du fichier RETRO*. Document no I-C-215, Projet BALSAC, UQAC.

Lavoie EM, Jomphe M, Tremblay M, Vézina H (2011): *Sources et procédures de reconstitutions généalogiques: RETRO, CARGO, BALSAC*. Document no I-C-240, Projet BALSAC, UQAC.

Projet BALSAC (2014): http://balsac.uqac.ca

Projet CARTaGENE (2014): www.cartagene.qc.ca

Thompson EA (1986): *Pedigree Analysis in Human Genetics*. Baltimore, MD, USA: Johns Hopkins University Press.