

ADN superstar ou superflic ?

Catherine Bourgain

Centre de recherche médecine,
sciences, santé, santé mentale,
société (Cermes3).

INSERM, Villejuif

**L'ADN dans tous ses états
Bobigny – 26 février 2014**

ADN Détective

Arbitre scientifique de la vérité ?

- ADN super-héros ?

- Séries TV, chroniques mondaines...



- USA :Innocent Project, 300 condamnés innocentés par leur ADN



- Abuelas de Plaza de Mayo: 100 personnes retrouvent leurs familles biologiques



Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA

NATURE VOL. 314 7 MARCH 1985

Alec J. Jeffreys*, Victoria Wilson* & Swee Lay Thein†

* Department of Genetics, University of Leicester, University Road, Leicester LE1 7RH, UK

† MRC Molecular Haematology Unit, Nuffield Department of Clinical Medicine, John Radcliffe Hospital, Headington, Oxford OX3 9DU, UK

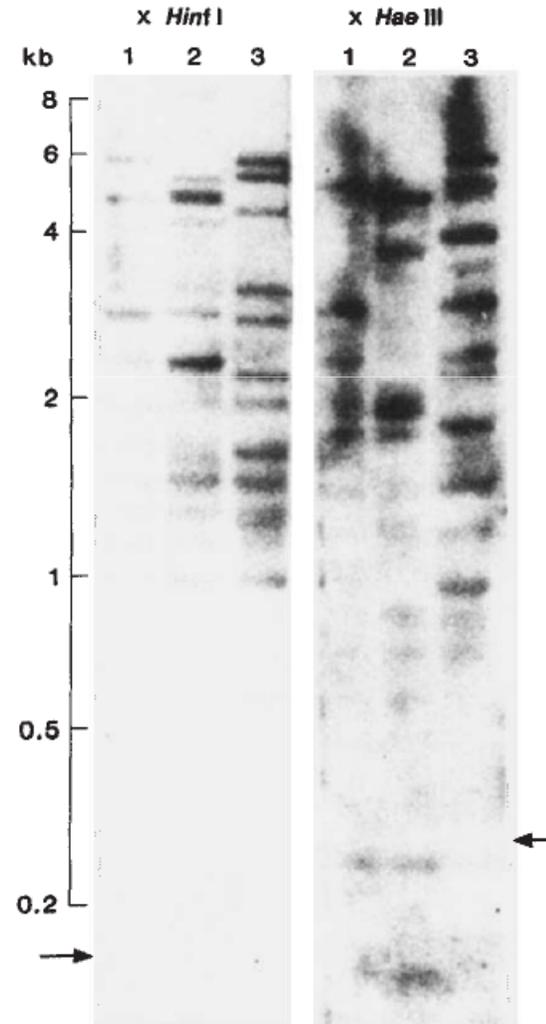
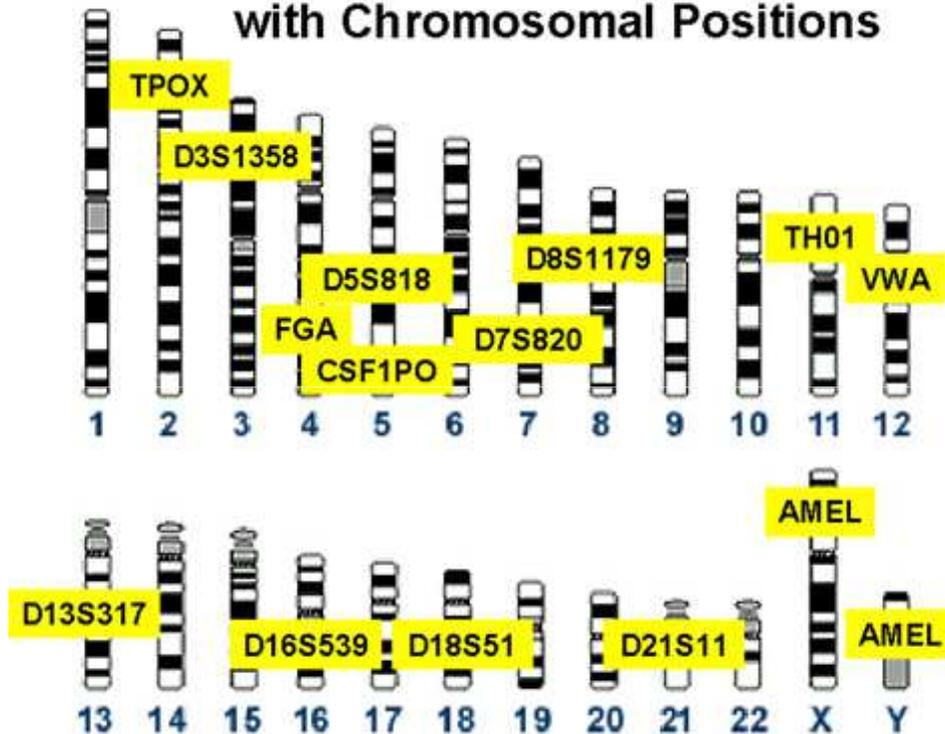


Fig. 2 Detection of multiple 33-related sequences in human DNA. 10 μ g samples of DNA from individual 1 (daughter), 2 (mother) and 3 (father) were digested with *Hin*I or *Hae*III, electrophoresed through a 1% agarose gel and transferred by blotting³⁵ to a Pall Biodyne membrane to prevent the loss of small DNA fragments. The membrane was hybridized in 1 \times SSC at 60° with dextran sulphate³⁶ to the insert from pAV33.7 (Fig. 1) labelled *in vitro* with ³²P (ref. 20). The arrowed fragment in each digest is derived from the minisatellite located in the myoglobin gene (Fig. 1); a survey of DNA from 12 individuals digested with *Hae*III showed that this myoglobin minisatellite is monomorphic (data not shown).

Empreintes génétiques

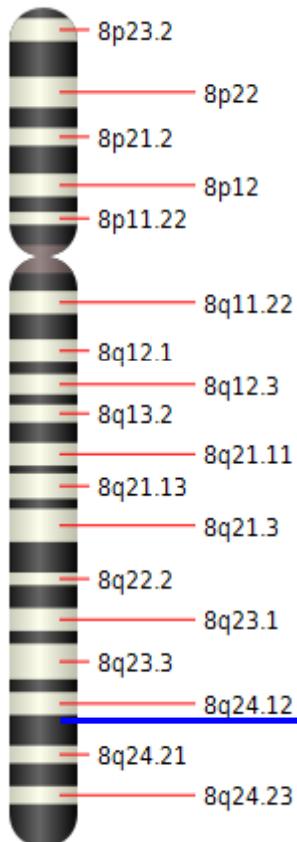
13 CODIS Core STR Loci
with Chromosomal Positions



Locus designation	Chromosome location	Alleles included in AmpFISTR® Identifiler® Allelic Ladder
D8S1179	8	8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19
D21S11	21q11.2-q21	24, 24.2, 25, 26, 27, 28, 28.2, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34, 34.2, 35, 35.2, 36, 37, 38
D7S820	7q11.21-22	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15
CSF1PO	5q33.3-34	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15
D3S1358	3p	12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19
TH01	11p15.5	4, 5, 6, 7, 8, 9, 9.3, 10, 11, 13.3
D13S317	13q22-31	8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15
D16S539	16q24-qter	5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15
D2S1338	2q35-37.1	15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28
D19S433	19q12-13.1	9, 10, 11, 12, 12.2, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 15.2, 16, 16.2, 17, 17.2
vWA	12p12-pter	11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24
TPOX	2p23-2per	6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13
D18S51	18q21.3	7, 9, 10, 10.2, 11, 12, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27
Amelogenin	X: p22.1-22.3 Y: p11.2	X, Y
D5S818	5q21-31	7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16
FGA	4q28	17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 26.2, 27, 28, 29, 30, 30.2, 31.2, 32.2, 33.2, 42.2, 43.2, 44.2, 45.2, 46.2, 47.2, 48.2, 50.2, 51.2

*Marqueurs utilisés pour
le fichier ADN aux Etats-Unis*

D8S1179



20 alleles différents :
[TCTA]_{7,12}[TCTG]_{0,2}[TCTA]_{11,15}

Allèle 13 : [TCTA]₁[TCTG]₁[TCTA]₁₁

Allèle 14 : [TCTA]₁[TCTG]₁[TCTA]₁₂

Allèle 13

TCTA TCTG TCTA TCTA

Allèle 14

TCTA TCTG TCTA TCTA

8q24.13

Les empreintes génétiques : une information à géométrie variable

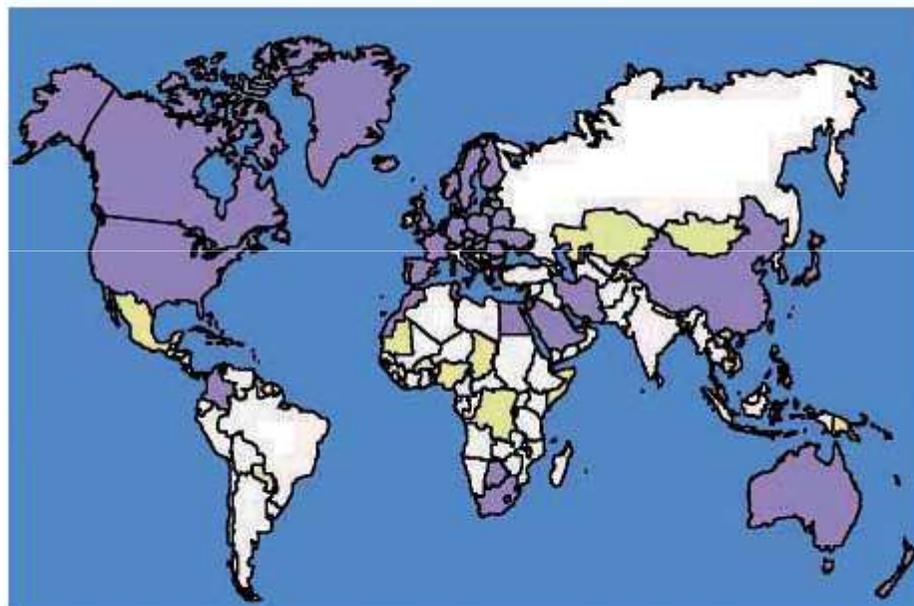
Exemple d'une empreinte pour 4 microsattellites
utilisés par la police Royaume Uni, années 80

Microsattellites	VWA		THO1		D21S11		D8S1179	
Empreinte 1	16	17	7	9	30	31.2	13	14

Il n'existe pas UNE empreinte génétique comme il existe une empreinte digitale : elle dépend des marqueurs génétiques utilisés

GUIDE INTERPOL SUR L'ÉCHANGE DE DONNÉES GÉNÉTIQUES ET SUR LES PRATIQUES EN MATIÈRE D'ANALYSE D'ADN

DEUXIÈME ÉDITION 2009



*Figure 5B : Carte des pays possédant une base de données génétiques nationale (en mauve).
Les pays ne possédant pas de base de données génétiques apparaissent en blanc
et ceux dont la situation en la matière n'est pas connue sont en jaune.*

Arrêté du 23 octobre 2006 fixant la liste des segments d'ADN sur lesquels portent les analyses génétiques pratiquées aux fins d'utilisation du fichier national automatisé des empreintes génétiques

« Art. A. 38. – Les segments d'ADN sur lesquels portent les analyses destinées à l'identification génétique figurent dans le tableau ci-après :

SEGMENT D'ADN OU « LOCUS » selon la nomenclature internationale	LOCALISATION
D3S1358	Chromosome 3
VWA	Chromosome 12
D8S1179	Chromosome 8
D21S11.....	Chromosome 21
D18S51.....	Chromosome 18
TH01	Chromosome 11
FGA.....	Chromosome 4
D16S539	Chromosome 16
D5S818.....	Chromosome 5
D13S317	Chromosome 13
D7S820.....	Chromosome 7
CSF1PO.....	Chromosome 5
TPOX.....	Chromosome 2
Amélogénine.....	Chromosomes X et Y

Les analyses portent également sur deux au moins des quatre segments d'ADN suivants :

SEGMENT D'ADN OU « LOCUS » selon la nomenclature internationale	LOCALISATION
D2S1338	Chromosome 2
D19S433	Chromosome 19
Penta E.....	Chromosome 15
Penta D.....	Chromosome 21

Les analyses peuvent également porter sur le segment d'ADN suivant :

SEGMENT D'ADN OU « LOCUS » selon la nomenclature internationale	LOCALISATION
SE33 (ACTBP2).....	Chromosome 6

Coût ?

Le prix unitaire d'un kit d'analyse ADN est d'environ 9 euros TTC et le prix d'une extraction de profil par un laboratoire public, dans ces conditions, avoisine les 70 euros.

Le coût d'une analyse de traces biologiques oscillera lui entre 180 et 400 euros en fonction de la difficulté de l'analyse.

Utilisation des empreintes génétiques

- Extraire l'ADN à partir d'un tissu biologique (salive, cellules, sperme, cheveu, poil...) et obtenir les empreintes de cet ADN
 - Comparer les empreintes d'une personne avec celles d'une autre : test de paternité...

Microsatellites	VWA		THO1		D21S11		D8S1179	
Enfant	16	17	7	9	30	31.2	13	14
Père suspecté 1	17	21	9	12	30	32	13	17

Utilisation des empreintes génétiques

- Extraire l'ADN à partir d'un tissu biologique (salive, cellules, sperme, cheveu, poil...) et obtenir les empreintes de cet ADN
 - Comparer les empreintes d'une personne avec celles d'une autre : test de paternité...

Microsatellites	VWA		THO1		D21S11		D8S1179		D18S51	
	Enfant	16	17	7	9	30	31.2	13	14	11
Père suspecté 1	17	21	9	12	30	32	13	17	7	27

Utilisation des empreintes génétiques

- Extraire l'ADN à partir d'un tissu biologique (salive, cellules, sperme, cheveu, poil...) et obtenir les empreintes de cet ADN
 - Comparer les empreintes d'une personne avec celles d'une autre : test de paternité...
 - Comparer les empreintes avec celles obtenues à partir d'un tissu biologique trouvé mais non identifié :

Microsatellites	VWA		THO1		D21S11		D8S1179		D18S51	
Trace	16	17	7	9	30	31.2	13	14	11	21
Suspect 1	16	17	7	9	30	31.2	13	14	11	21
Suspect 2	16	17	7	9	30	31.2	13	14	7	27

Comparaison d'empreintes génétiques : une opération complexe

- **Toujours un calcul de probabilité...**
 - Une empreinte peut être plus ou moins fréquente selon la population d'origine des personnes:

Microsatellites	VWA		THO1		D21S11		D8S1179	
Empreinte 1	16	17	7	9	30	31.2	13	14

1 personne sur 50 000 en Europe
1 personne sur 3 000 chez les amérindiens

- Dépend du nombre / du choix des marqueurs utilisés pour réaliser l'empreinte

Comparaison d'empreintes génétiques : une opération complexe

- **Toujours un calcul de probabilité...**
- **Parfois compliqué à réaliser**
 - Mélanges de plusieurs ADN

Microsatellites	VWA		TH01		D21S11		D8S1179	
Empreintes de Smith	16	17	7	9	30	29	13	14
Allèles retrouvés sur l'échantillon	16	17	7	9	8	30	29	13 14 15 16
Combinaisons d'allèles possibles pour la seconde personne	16	16	7	8	30	30		
	17	17	9	8	30	29	15	16
	16	17	8	8	29	29		

Tableau 2 : Simulation du cas de Charles R. Smith

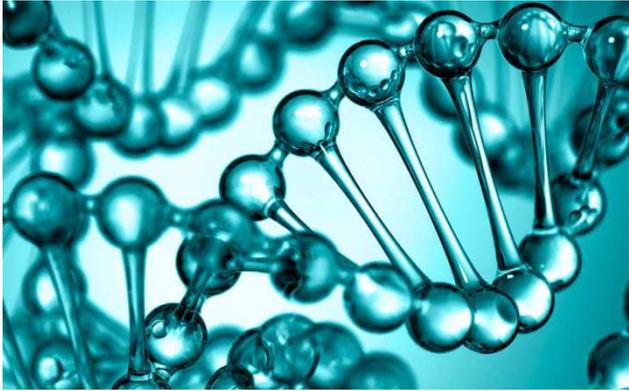
- Problème de dégradation du tissu biologique : il manque des informations
- ==> Débats d'experts sur les statistiques

Comparaison d'empreintes génétiques : une opération complexe

- **Toujours un calcul de probabilité...**
- **Parfois compliqué à réaliser**
- **Qui reste un acte de laboratoire**
 - John Butler (US National Institut of Standards and Technology) a fait réaliser des tests sur 69 laboratoires : différences entre 1 à 10 dans les résultats statistiques, pour les mêmes échantillons

L'empreinte ne fait pas le coupable

- La présence d'un tissu biologique analysable doit être croisée avec d'autres sources
 - « Oh, it's DNA? It matches? Guilty. »
- Les “contaminations” sont fréquentes

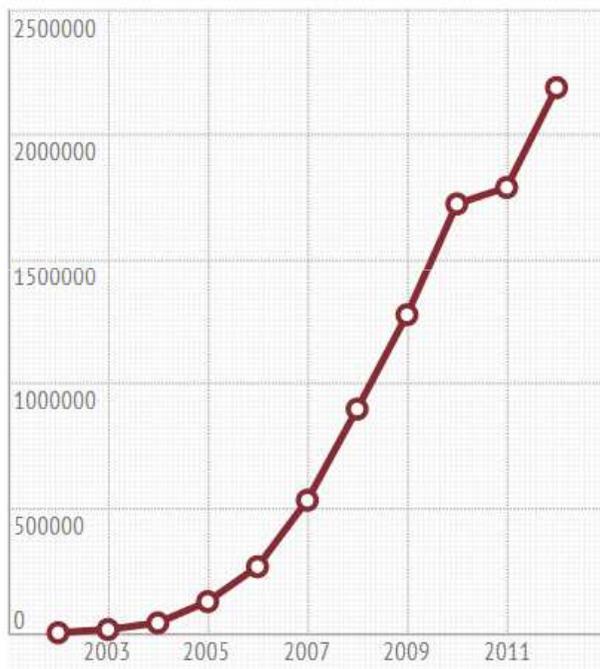


Le cas du National DNA Data (NDNAD) britannique

- Adoption par le parlement en 1994 suite à l'affaire Colin Pitchfork
 - Vision de la délinquance liée à une « carrière criminelle » : inclure le maximum de personnes
- 6 millions de personnes en 2012
 - Condamnés, mis en cause et volontaires
 - Conservation 100 ans empreintes et échantillons
 - 6 ans pour les non condamnés depuis l'arrêt Marper CEDH (2008)
 - 40% des hommes noirs, 9% des hommes blancs

Le Fichier National Automatisé des empreintes génétiques (FNAEG)

Le nombre de profils génétiques au FNAEG



1998: personnes impliquées dans les infractions à caractère sexuel.

2001; 2003, 2004, 2005 : élargi à de simples délits (vol, tag, arrachage d'OGM, etc.) ; permet d'inclure de simples suspects ; créé un délit de refus de prélèvement (15000 euros d'amende et 1 an de prison)

2011 : Utilisation pour recherche familiale (E. Kulick)

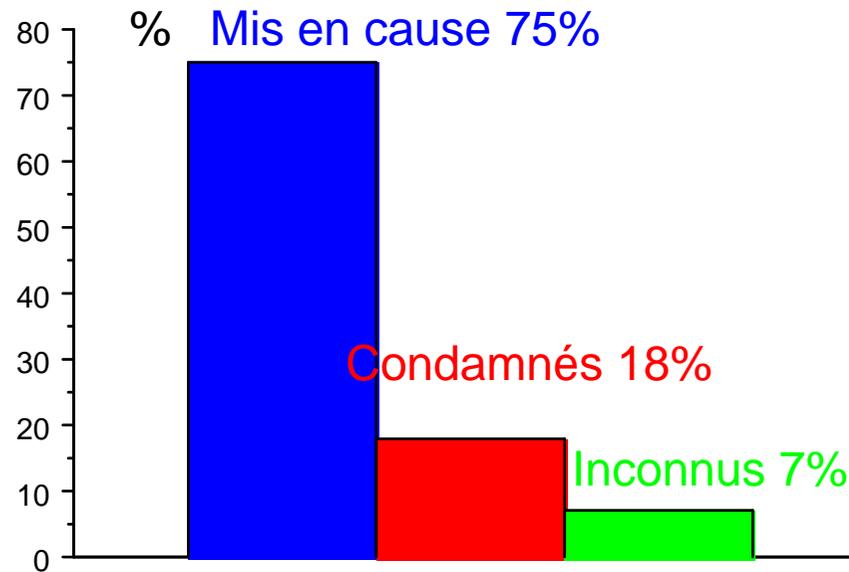
Slate.fr Source: Wikipédia



Create infographics

info.gr.am

FNAEG, 2012 : 2 200 000 enregistrements



Multiplication des procès de syndicalistes, militants...
qui refusent de se soumettre au prélèvement ADN
pour inscription dans le fichier

DÉBAT

**FAUT-IL MAINTENIR / POURSUIVRE
L'EXTENSION DU FICHIER DES
EMPREINTES GÉNÉTIQUES ?**

Le FNAEG en débat

- Multiplication des procès de syndicalistes, militants...
 - « Je ne suis pas un délinquant sexuel »
 - Que peut-on faire avec « mon ADN » ? Quid en cas de détournement ?
 - « L'ADN est partagé dans les familles, en me marquant vous marquez les miens »
- Le dilemme nombre de marqueurs/information disponible (identification vs caractéristiques)
- Difficulté d'évaluer son efficacité réelle
- Focalisation sur les enquêtes « ADNisables »?

Nothing to hide, nothing to fear?

Balancing individual rights and the public interest in the governance and use of the National DNA Database

A report by the Human Genetics Commission
November 2009



Human
Genetics
Commission

« l'utilité du fichier génétique, tel qu'elle est aujourd'hui mesurée, ne justifie pas les intrusions dans la vie privée et les risques associés qu'il représente »

Risques importants : erreurs dans les analyses, identification fortuite de parenté, violation de la sécurité des données, stigmatisation et discrimination des minorités surreprésentées dans le fichier, modification de la présomption d'innocence

Aucune étude n'a encore permis de **démontrer clairement** l'utilité médico-légale du fichier des empreintes génétiques

Rapport de la commission des lois sur le projet de loi de finances 2014

« S'il n'est pas question de nier l'utilité de ce fichier [le FNAEG], qui sert à faciliter l'identification et la recherche des auteurs d'infractions à l'aide de leur profil génétique, mais aussi de personnes disparues (à l'aide du profil génétique de leurs descendants ou de leurs ascendants), **votre rapporteur pour avis s'interroge sur le champ très large d'infractions ainsi concernées.** »

[M. Sergio Coronado](#). député

Depuis sa création en 1998, le fichier national automatisé des empreintes génétiques, plus connu sous le nom de FNAEG, n'a cessé de prendre de l'ampleur. Au 1^{er} septembre 2012, environ deux millions d'empreintes y figuraient. Cette extension du fichage génétique et l'évolution des pratiques soulèvent, à juste titre, des interrogations et des oppositions.

La question se pose de la **destruction des empreintes des personnes pour lesquelles la justice a prononcé un non-lieu, une relaxe ou un acquittement, et qui ne sont ni condamnées ni mises en cause dans une autre affaire.**

L'extension du fichier, au départ réservé aux personnes condamnées pour des infractions sexuelles, a créé une situation inédite : **militants politiques et syndicaux y sont aujourd'hui fichés.** Enfin, refuser de se soumettre au prélèvement peut être puni d'un an d'emprisonnement et de 15 000 euros d'amende.

Ce fichage fait régulièrement l'objet de controverses. Madame la ministre, **les syndicalistes, les militants associatifs ou les faucheurs d'OGM, pas plus, d'ailleurs, que les militants opposés à la loi ouvrant le mariage aux couples de même sexe, n'ont leur place dans ce fichier.**

N'est-il pas temps d'agir et de réformer ce fichier afin **d'éviter que l'action politique, associative ou syndicale ne soit mise sur le même plan que les délits et les crimes ?**

**Question au
Gouvernement
8 janvier 2014**

**Question au
Gouvernement
8 janvier 2014**

[Mme Christiane Taubira](#), *garde des sceaux, ministre de la justice.*

La préoccupation que vous venez d'exprimer est largement partagée. Des dispositions ont été prévues dans la proposition de loi sur l'amnistie sociale, que l'Assemblée a examinée.

Par ailleurs, il existe deux jurisprudences, l'une, d'avril 2013, de la Cour européenne des droits de l'homme, l'autre, du Conseil constitutionnel, qui, saisi d'une question préalable de constitutionnalité, a émis une réserve d'interprétation. Les deux instances ont mis en **cause les conditions de conservation de ces données** – de vingt-cinq à quarante ans – et de suppression des informations, dont la garantie leur semble aussi bien théorique qu'illusoire.

Nous travaillons avec les parlementaires pour ajuster la loi et avec le ministère de l'intérieur pour prendre en considération ces éléments **et modifier aussi bien le fichier des empreintes digitales que celui des empreintes génétiques.**

Je ne pense pas que ce soit ici ait l'idée de confondre les militants politiques et syndicaux avec des criminels sexuels...

Emirats Arabes Unis :

Ficher toute la population en partant des plus jeunes pour « les réhabiliter avant qu'ils ne commettent des crimes encore plus graves »,

Simple mesure de sécurité,

Reconnaissance en cas de désastre

Innocenter les suspects

...



Distinction empreintes génétiques / caractéristiques génétiques

Chapitre III : De l'examen des caractéristiques génétiques d'une personne et de l'identification d'une personne par ses empreintes génétiques.

Code Civil

Article 16-10 En savoir plus sur cet article...

Modifié par Loi n°2004-800 du 6 août 2004 - art. 4 JORF 7 août 2004

L'examen des caractéristiques génétiques d'une personne ne peut être entrepris qu'à des fins médicales ou de recherche scientifique.

Le consentement exprès de la personne doit être recueilli par écrit préalablement à la réalisation de l'examen, après qu'elle a été dûment informée de sa nature et de sa finalité. Le consentement mentionne la finalité de l'examen. Il est révocable sans forme et à tout moment.

Article 16-11 En savoir plus sur cet article...

Modifié par Loi n°2005-270 du 24 mars 2005 - art. 93 JORF 26 mars 2005 en vigueur le 1er juillet 2005

L'identification d'une personne par ses empreintes génétiques ne peut être recherchée que dans le cadre de mesures d'enquête ou d'instruction diligentée lors d'une procédure judiciaire ou à des fins médicales ou de recherche scientifique ou d'identification d'un militaire décédé à l'occasion d'une opération conduite par les forces armées ou les formations rattachées.

Article 16-13 En savoir plus sur cet article...

Modifié par Loi n°2004-800 du 6 août 2004 - art. 4 JORF 7 août 2004

Nul ne peut faire l'objet de discriminations en raison de ses caractéristiques génétiques.

ADN portraitiste

L'ADN permet-il de se représenter une personne ?
Entre recherche scientifique et exploitation médiatique

**HEREDITARY
GENIUS**
AN INQUIRY INTO
ITS LAWS AND CONSEQUENCES

BY
FRANCIS GALTON, F.R.S., ETC.

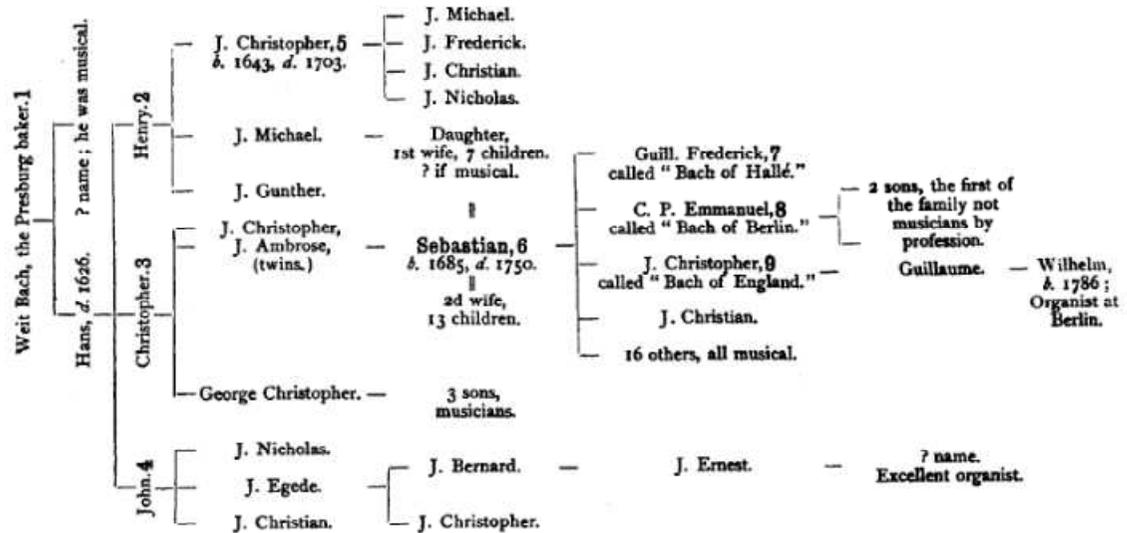
London
MACMILLAN AND CO.
AND NEW YORK 1892

The Right of Translation and Reproduction is Reserved

Francis Galton



PEDIGREE OF THE BACHS.

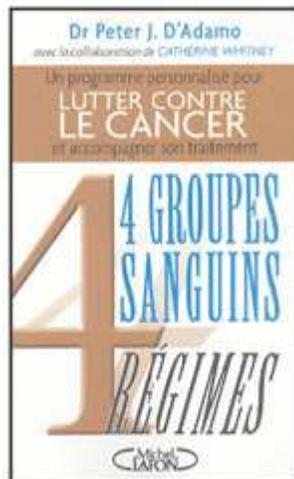


K. Pulli, 2008, Relations (20-60%) entre Tests d'aptitudes musicales et récepteur de l'arginine-vasopressine (AVPR1A)

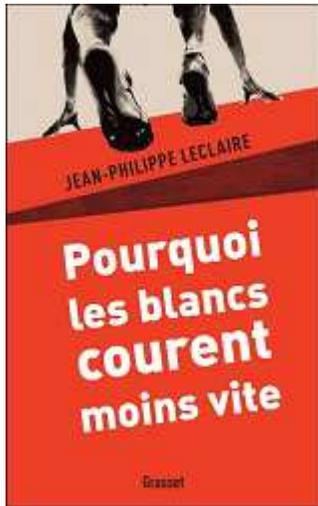


Sang et Tempéraments, Léone Bourdel, collection « Bilan de la Science », Fayard, 1962

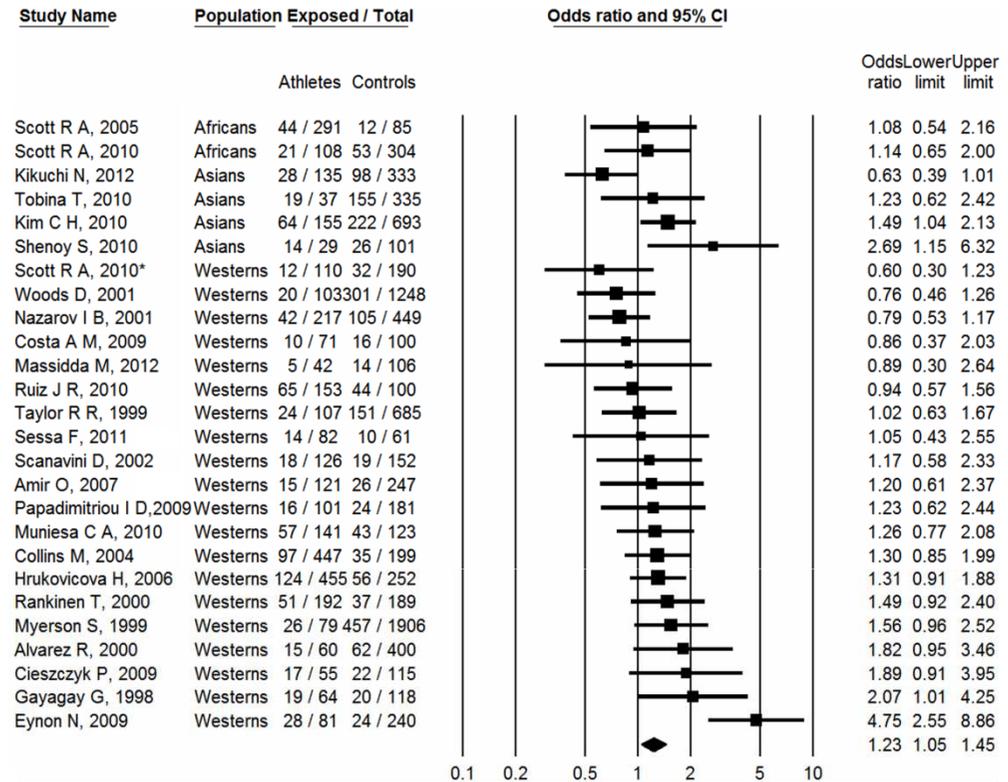
GROUPE "A"	GROUPE "B"	GROUPE "AB"	GROUPE "O"
HARMONIQUES	RYTHMIQUES	COMPLEXES	MELODIQUES
ATOUTS	ATOUTS	ATOUTS	ATOUTS
ordonnés	indépendants	self-control	lucides
introvertis	extravertis	organiseurs	pouvoir de concentration
soigneux	ouverts	clairs	perspicaces
sens de l'organisation	pratiques	honnêtes	sexy
calmes	inventifs	concentrés	réalistes
sensibles	intuitifs	intuitifs	bons leaders
méthodiques	passionnés	religieux	positifs
fidèles	sexy	rationnels	joueurs
patriotes	loyaux	diplomates	aiment gagner
polis	travailleurs	sens de l'humour	romantiques
sérieux dans le travail	logiques	décontractés	éloquents
prudents	persuasifs	s'adaptent facilement	fonceurs
HANDICAPS	HANDICAPS	HANDICAPS	HANDICAPS
timides	imprévisibles	indécis	peu soucieux de l'opinion
complexés	mal organisés	lents	imprudents
pessimistes	indiscrets	rancuniers	têtu
renfermés	impudiques	susceptibles	avides de pouvoir
lents	infidèles	irascibles	égoïstes
mauvais chefs	versatiles	dragueurs	jaloux
ennuyeux en société	égoïstes	secrets	colériques
tendus	méprisants	sans gêne	menteurs
menteurs	cyclothymiques	infidèles	flatteurs
inquiets	violents	peu persévérants	infidèles



<http://www.ecolechezvous.com/test2.htm>

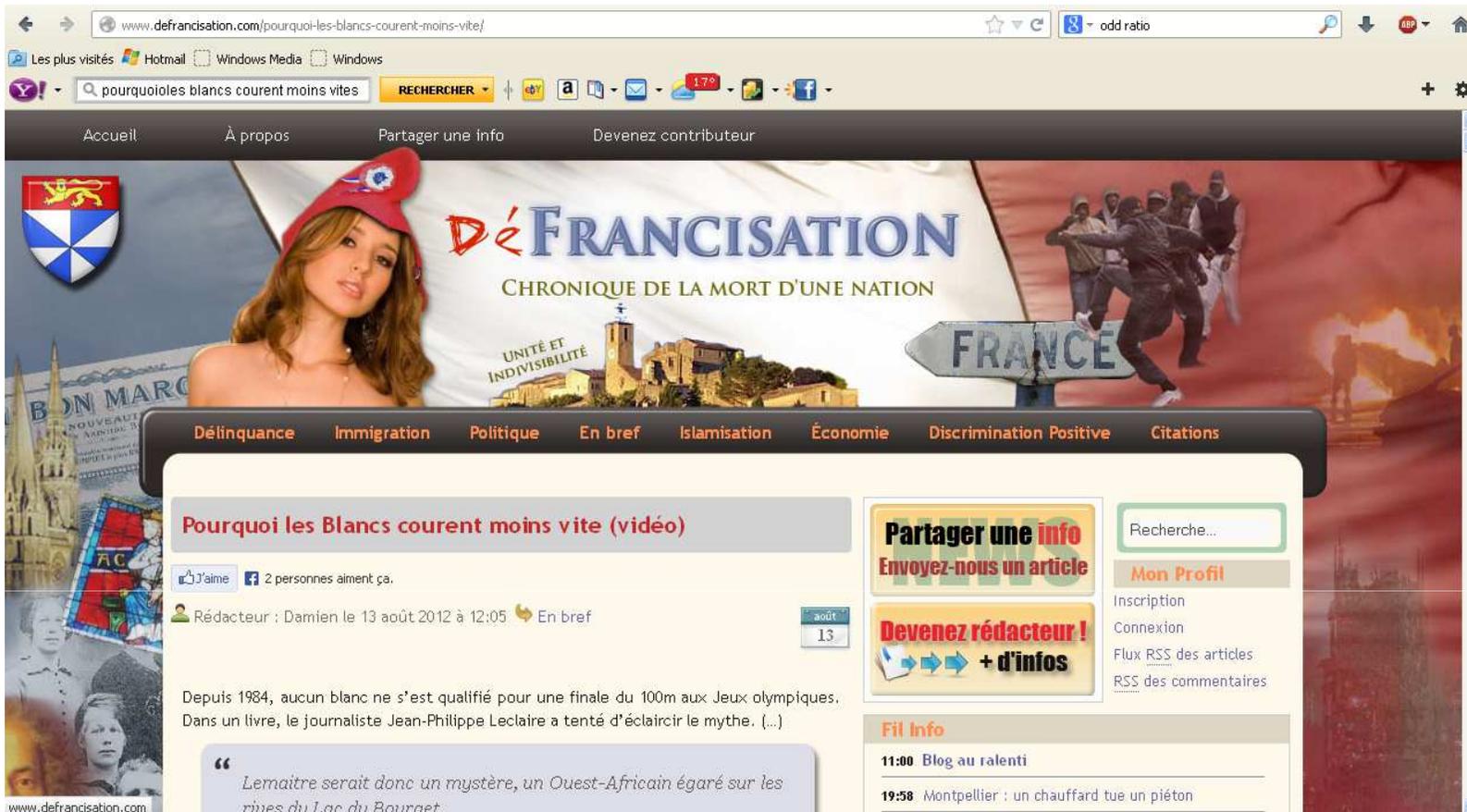


Gène de l'ACE et capacités athlétiques (Ma et al, PlosOne, 2013)



Subgroup analysis	Summarized OR (95% CI)	No. of included studies	Heterogeneity test	
			I ² (%)	p
All	1.23 (1.05-1.45)	26	51.54	<0.01
Gender	Male	10	19.79	0.26
	Female	2	0.00	0.63
Ethnicity	Westerns	20	51.86	<0.01
	Asians	4	74.86	<0.01
	Africans	2	0.00	0.91
Sport Discipline	Endurance	17	0.00	0.66
	Power	13	75.19	<0.01

Variation fréquente de l'ADN, d'effet très relatif



Vidéo : « Finalement, parfois, les races existent »
« Avoir la peau noire, c'est courir vite »
« Ce sont les gènes qui font la différence, C'est prouvé
scientifiquement »
(13 aout 2012)

Table 1. Statistics on the 22 studies (with or without associations reaching genome-wide significance).

Phenotype	Size	Top hit	# Loci	Loci
Eye color, blue to brown	4402	3.00	6	OCA2, SLC24A4, IRF4, SLC45A2, TYR, (TYRP1)
Freckles	4405	90.68	5	IRF4, MC1R, ASIP, BNC2 , (TYR)
Hair color, blond to brown	3044	87.07	5	OCA2, IRF4, SLC45A2, SLC24A4, MC1R
Red hair	4422	86.28	2	MC1R, ASIP
Eye color, green/blue	2826	51.52	3	OCA2, SLC24A4, TYR
Hair curl	5385	41.80	3	TCHH, WNT10A , (OFCC1)
Asparagus anosmia	4742	23.18	1	OR2M7
Photoc sneeze reflex	5390	10.93	2	2q22.3 , (NR2F2)
Footedness	3079	6.75	0	
Attached earlobes	3915	6.59	0	
Morningness	4264	6.50	0	
Braces	4011	6.45	0	
Optimism	3936	6.29	0	
Astigmatism	7701	6.17	0	
Prefer sweet snacks	3100	6.07	0	
Wisdom teeth	3983	5.89	0	
Cavities	5366	5.81	0	
Glasses	5386	5.76	0	
Ocular dominance	3126	5.70	0	
Hand-clasp	5256	5.66	0	
Motion sickness	2987	5.55	0	
Handedness	4268	5.30	0	

Loci are called significant if they contain a SNP with $-\log_{10}$ p-value over 8.4 and suggestively significant if they have one between 7.1 and 8.4. Loci that were not previously associated with the given trait are in bold, those where we report a remapping of a previous hit are in italics, and suggestively significant loci are in parentheses. Size refers to the total number of individuals in the study. The "top hit" refers to the largest $-\log_{10}$ p-value for the given trait. The genomic control inflation factor, λ , [59] was between 1.0 and 1.02 for all studies. For more details, including λ , numbers of cases and controls, and covariates used in the analyses, see Supplementary Table 1 of Text S6.

doi:10.1371/journal.pgen.1000993.t001

ARTICLE

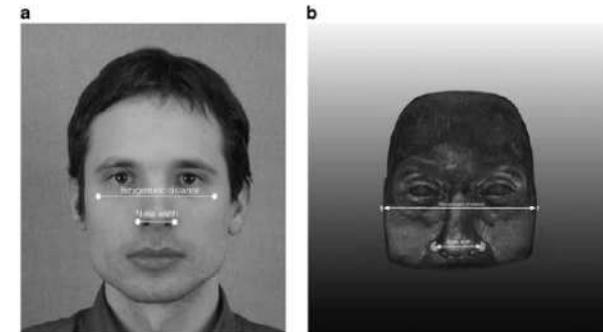
Genetic determination of human facial morphology: links between cleft-lips and normal variation

Stefan Boehringer^{1,2}, Fedde van der Lijn^{3,7}, Fan Liu³, Manuel Günther⁴, Stella Sinigerova², Stefanie Nowak⁵, Kerstin U Ludwig⁶, Ruth Herberz⁶, Stefan Klein⁷, Albert Hofman⁸, Andre G Uitterlinden⁹, Wiro J Niessen^{7,10}, Monique MB Breteler⁸, Aad van der Lugt¹¹, Rolf P Würtz⁴, Markus M Nöthen^{5,6}, Bernhard Horsthemke², Dagmar Wieczorek², Elisabeth Mangold^{5,12} and Manfred Kayser^{3,12}

Recent genome-wide association studies have identified single nucleotide polymorphisms (SNPs) associated with non-syndromic cleft lip with or without cleft palate (NSCL/P), and other previous studies showed distinctly differing facial distance measurements when comparing unaffected relatives of NSCL/P patients with normal controls. Here, we test the hypothesis that genetic loci involved in NSCL/P also influence normal variation in facial morphology. We tested 11 SNPs from 10 genomic regions previously showing replicated evidence of association with NSCL/P for association with normal variation of nose width and bizygomatic distance in two cohorts from Germany ($N=529$) and the Netherlands ($N=2497$). The two most significant associations found were between nose width and SNP rs1258763 near the *GREM1* gene in the German cohort ($P=6\times 10^{-4}$), and between bizygomatic distance and SNP rs987525 at 8q24.21 near the *CCDC26* gene ($P=0.017$) in the Dutch sample. A genetic prediction model explained 2% of phenotype variation in nose width in the German and 0.5% of bizygomatic distance variation in the Dutch cohort. Although preliminary, our data provide a first link between genetic loci involved in a pathological facial trait such as NSCL/P and variation of normal facial morphology. Moreover, we present a first approach for understanding the genetic basis of human facial appearance, a highly intriguing trait with implications on clinical practice, clinical genetics, forensic intelligence, social interactions and personal identity.

European Journal of Human Genetics advance online publication, 22 June 2011; doi:10.1038/ejhg.2011.110

La génétique expliquerait
2% des variations du nez et
0.5% de celles du bizygomatique



Allelic Associations Between 100 DNA Markers and High Versus Low IQ

Et le QI ?

ROBERT PLOMIN
GERALD E. MCCLEARN
DEBORAH L. SMITH
PATRICIA SKUDER
SYLVIA VIGNETTI
The Pennsylvania State University

MICHAEL J. CHORNEY
KAREN CHORNEY
STEVEN KASARDA
Milton S. Hershey Medical Center, The Pennsylvania State University

32

PLOMIN, MCCLEARN, SMITH, SKUDER, ET AL.

al., 1995) in this issue, this marker was found to involve mitochondrial DNA (mtDNA) rather than nuclear DNA. The unexpected nature of this marker suggests caution in claiming that the replicated association for EST00083 is indeed a quantitative trait loci (QTL) for IQ until the association receives additional support. This study provides statistical power to detect associations that account for about 2% of the IQ variance in the population. We are currently obtaining samples four times larger that will provide statistical power to detect allelic associations that account for considerably less than 1% of the variance.

Annonce reçue par mail le 21 février 2014 !

IMPACTS OF GENETIC CODES ON HAPPINESS more

by Beste Daylik

Beste DAYLIK
ENG102-32
Instructor: Robin TURNER
Research Paper Draft

IMPACTS OF GENETIC CODES ON HAPPINESS

William Cowper stated that “happiness depends, as nature shows, less on exterior things than most suppose” (in Lykken & Tellegen, 1996, p.186). Happiness is usually discussed in terms of WB (well-being) or SBW (subjective well-being). However, there is no certain definition for happiness because everybody feels it differently. This is because there are many things affecting people’s happiness levels. If we ask people what is one of the major factors affecting their happiness level they probably will answer: environment. This paper shall argue that in contrast to the common view that environment determines our happiness level, the

Neurothéologie

Dieu, ADN et dépression



CARTE BLANCHE

Laurent
Alexandre

Chirurgien urologue,
président de DNAVision
l.alexandre@dnavision.be

(PHOTO: MARC CHAUMEL)

La neurothéologie est la discipline qui étudie les relations entre les phénomènes religieux et la biologie du cerveau. Boostée par les spectaculaires progrès des NBIC (nanotechnologies, biologie, informatique et sciences cognitives), cette branche des neurosciences ouvre d'immenses questions philosophiques sur notre libre arbitre. Les progrès des sciences du cerveau poussent les scientifiques à étudier les bases biologiques de nos émotions y compris spirituelles.

Les liens entre génétique, foi et cerveau commentent à peine à être étudiés. Le sujet est sensible : il est légitimement troublant pour les croyants d'envisager que leur foi est imposée par leur biologie cérébrale et leur ADN et non le fruit d'une rencontre spirituelle avec la transcendance. Le lien entre notre patrimoine génétique, notre activité cérébrale et nos croyances devient un enjeu scientifique non dénué d'arrière-pensées.

Si les études scientifiques visant à comprendre la biologie de la foi ont été négligées, cette situation est en train de changer. On a longtemps voulu penser que la

croissance protège des maladies psychiatriques et favorise l'épanouissement des gens. Une étude récente invalide cependant le postulat que la croyance est un rempart contre la dépression. Une équipe de chercheurs dirigée par Michael King, de l'University College de Londres, et publiée en septembre dans *Psychological Medicine* a analysé une cohorte de 8 318 personnes suivies par des médecins généralistes à travers sept pays. Les individus ayant les convictions spirituelles les plus fortes avaient deux fois plus de risques de connaître une dépression majeure dans l'année.

Loin de libérer le corps, la croyance s'accompagne d'un mal-être ! En réalité, le sens du lien entre dépression, foi et ADN est encore mal connu. Il se peut que ce ne soit pas la croyance en Dieu qui rende dépressif, mais que la sélection darwinienne ait, parmi les individus prédisposés génétiquement à la dépression grave, favorisé ceux qui étaient porteurs de mutations génétiques favorisant la croyance et donc réduisant leur risque suicidaire. Notre propension à croire pourrait, ainsi, être liée à notre patrimoine génétique.

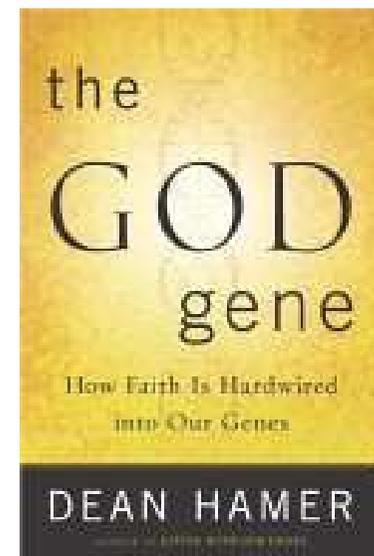
Le généticien américain Dean Hamer pense d'ailleurs avoir trouvé une influence du gène VMAT2 (vesicular monoamine transporter) sur notre foi. Un variant de ce qu'il a appelé le « gène de Dieu » induirait une capacité à vivre des expériences spirituelles. Problème : ses résultats controversés n'ont toujours pas été confirmés.

Pour autant, cette question complexe passionne les neurobiologistes : l'ADN fait-il de notre cerveau un organe mystique ? Si les religions monothéistes sont très réticentes au développement de la neurothéologie, les bouddhistes s'y investissent avec enthousiasme. Depuis une décennie, le dalaï-lama se passionne pour cette discipline et participe à des colloques sur le contrôle cérébral des sentiments religieux. Dès 2005, il prononçait le discours inaugural de la conférence de la Société américaine de neurosciences, et il suit de près les expériences neurotechniques et la biologie des sentiments religieux. Une chose est certaine : l'exploration des liens entre foi, génétique et cerveau ne pourra être durablement ignorée. Très en avance sur ce terrain, le bouddhisme sera-t-il la religion de l'ère biotechnologique ? ■

Magazine du « Monde » N° 21405 daté Mercredi 13 novembre 2013 - Ne peut être vendu séparément

« La sélection darwinienne [aurait], parmi les individus prédisposés génétiquement à la dépression grave, favorisé ceux qui étaient porteurs de mutations génétiques favorisant la croyance et donc réduisant leur risque suicidaire » Le généticien D. Hamer pense d'ailleurs avoir trouvé une influence du gène *VMAT2* sur notre foi... le « gène de Dieu »

LEADING GENETICIST DEAN HAMER CRACKS THE "CODE" BEHIND WHY WE ARE PREDISPOSED TO BELIEVE IN GOD. IN A BOOK THAT BRIDGES THE GAP BETWEEN RELIGION AND SCIENCE, HAMER BRILLIANTLY ILLUMINATES HOW OUR INCLINATION TOWARD FAITH IS INFLUENCED BY OUR GENES.



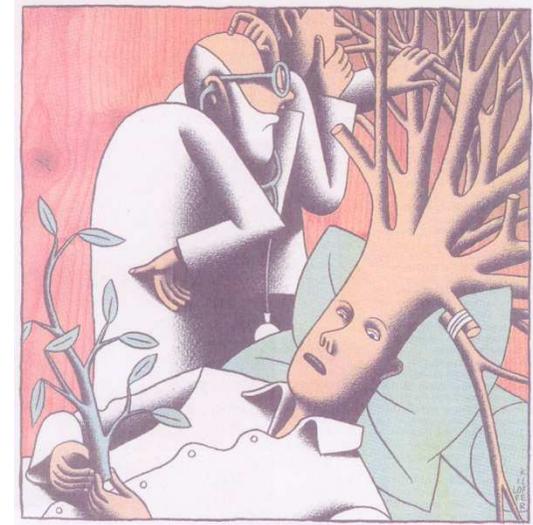
Ne pas confondre existence de recherches en génétique et effets des gènes sur la morphologie et les comportements

→ Confusion organisée dans l'intérêt d'activités commerciales, ou pour valider certaines idéologies du tampon « scientifiquement prouvé »

→ Art 16-10 code civil : « *L'examen des caractéristiques génétiques d'une personne en peut être entrepris qu'à des fins médicales ou de recherche scientifique. Le consentement exprès de la personne doit être recueilli. »*

DÉBAT

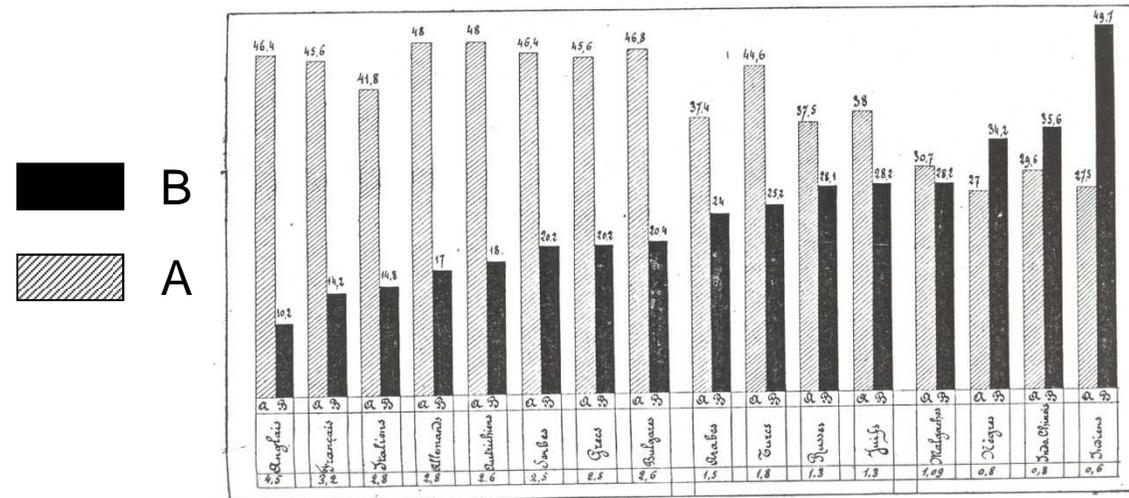
**FAUT-IL AUTORISER L'ANALYSE DES
CARACTÉRISTIQUES GÉNÉTIQUES A
D'AUTRES FINS QUE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE ET LA MÉDECINE ?**



ADN généalogiste

De la génétique des populations à la génétique de l'individu

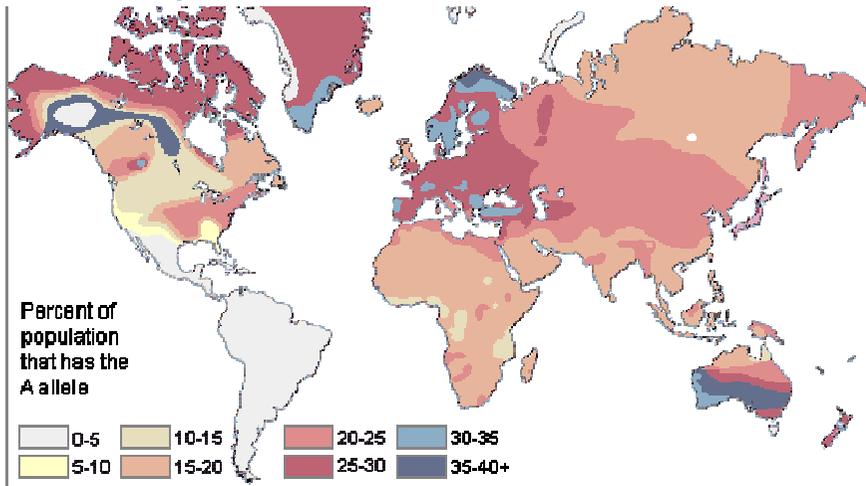
L'étude de la diversité génétique des populations : la génétique des populations humaines



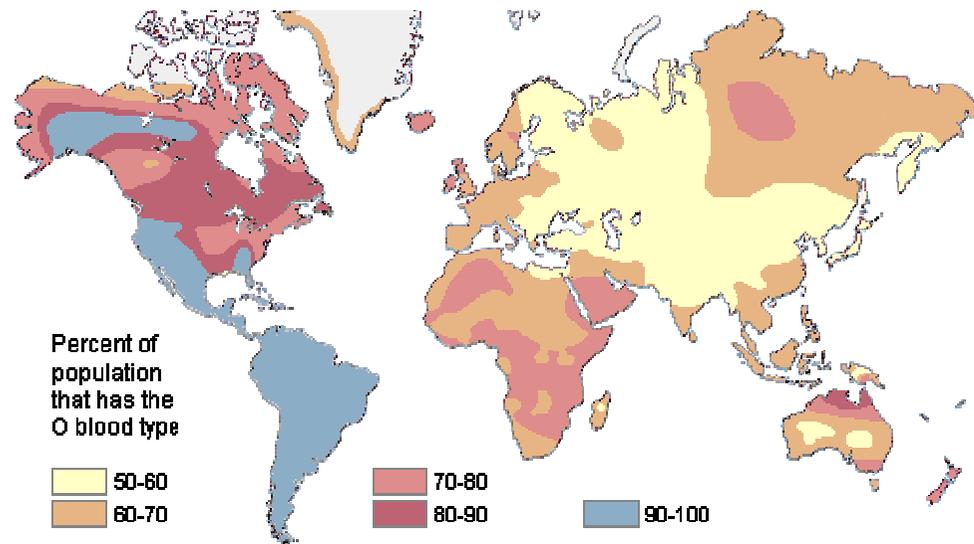
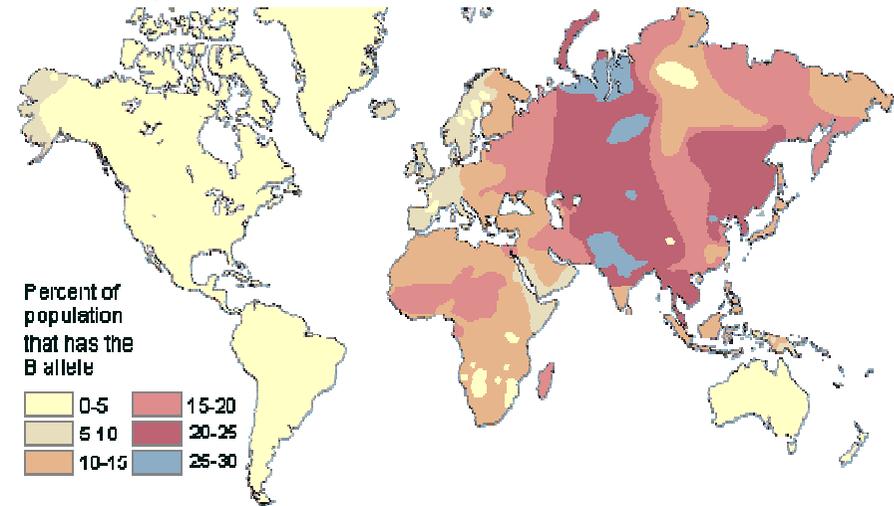
Hirschfeld et Hirschfeld,
L'Anthropologie, 1918-1919

Fréquences des groupes sanguins dans le monde

Groupe A

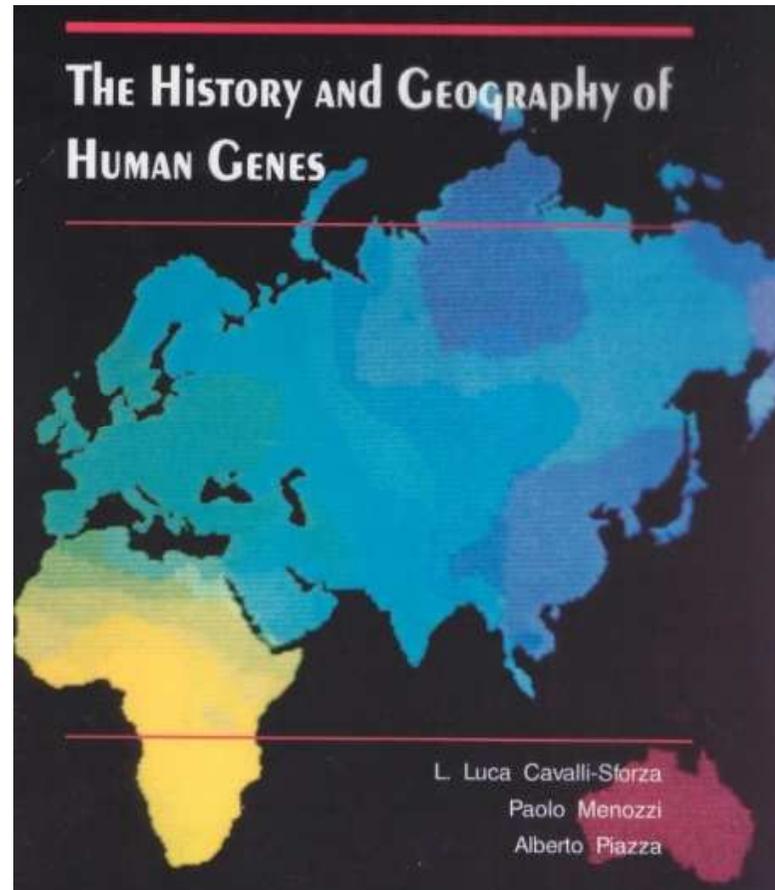


Groupe B



Groupe O

L'étude de la diversité génétique des populations : la génétique des populations humaines



1974, Princeton
University Press

The genome-wide structure of the Jewish people

Nature, 2010, doi:10.1038/nature09103

Doron M. Behar^{1,2*}, Bayazit Yunusbayev^{2,3*}, Mait Metspalu^{2*}, Ene Metspalu², Saharon Rosset⁴, Jüri Parik², Siiri Rootsi², Gyaneshwer Chaubey², Ildus Kutuev^{2,3}, Guennady Yudkovsky^{1,5}, Elza K. Khusnutdinova², Oleg Balanovsky⁶, Ornella Semino⁷, Luisa Pereira^{8,9}, David Comas¹⁰, David Gurwitz¹¹, Batsheva Bonne-Tamir¹¹, Tudor Parfitt¹², Michael F. Hammer¹³, Karl Skorecki^{1,5} & Richard Villems²

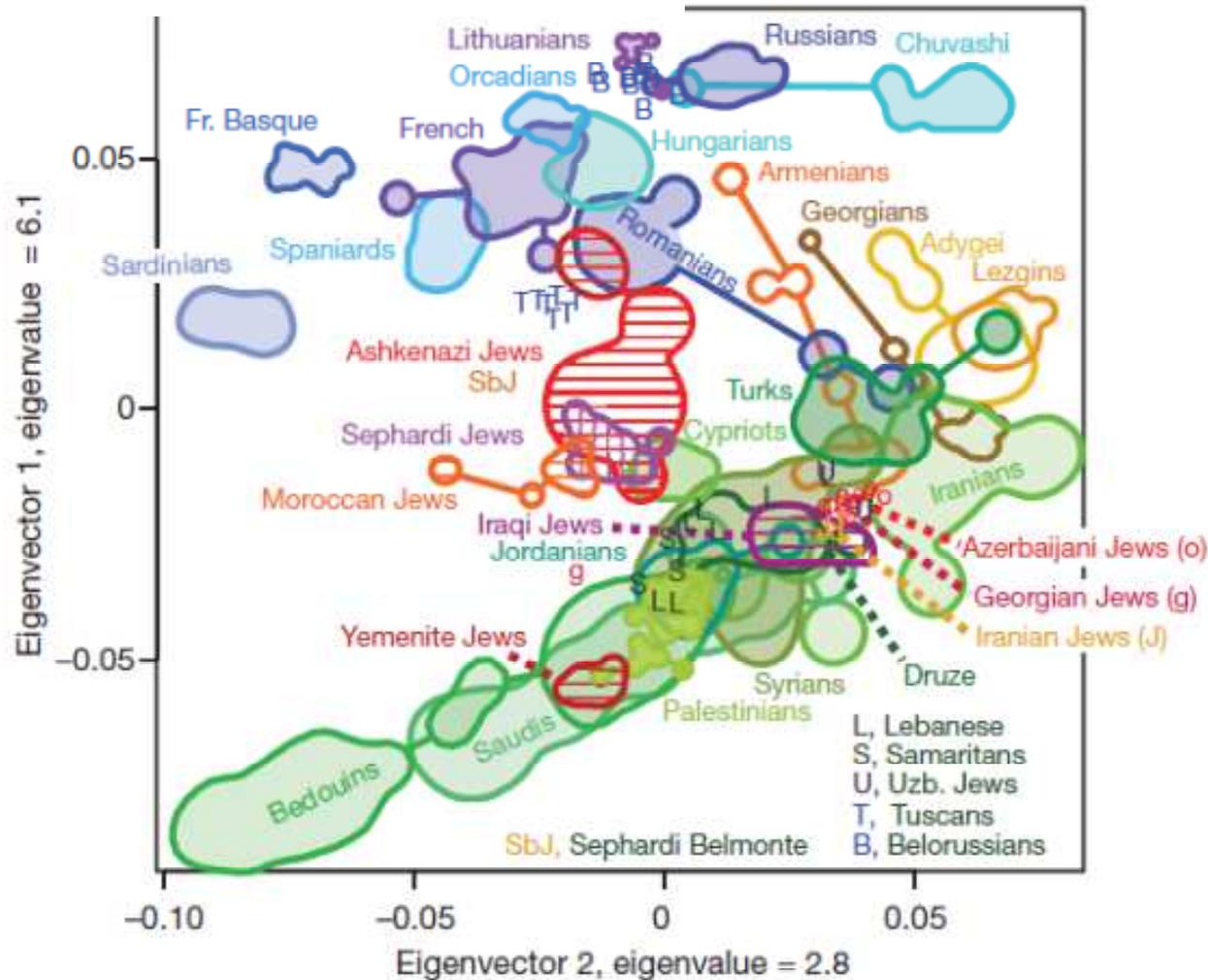


Figure 2 | PCA of west Eurasian high-density array data. Plot of kernel densities (Supplementary Note 2) for each population sample ($n > 10$) was estimated on the basis of PC1 and PC2 coordinates in Supplementary Fig. 3.



Découvre ton histoire

Etes-vous juif?

Avez-vous des racines juives? Etes-vous ashkénaze ou séfarde? Etes-vous un Levi ou un Cohen?

Un test ADN par iGENEA vous permettra de préciser une éventuelle origine juive. Selon vos caractéristiques génétiques spécifiques, nous pouvons déterminer si vous êtes d'origine juive, et à quelle lignée appartient votre origine juive (paternelle, maternelle ou les deux) et même dans quelle proportion vous êtes juif. De plus votre profil sera comparé à plus de 600 000 personnes dans notre base de données. Si nous trouvons un match génétique, c'est à dire, des gens avec qui vous correspondez génétiquement, vous aurez la possibilité d'entrer en contact avec ces personnes et d'approfondir votre recherche généalogique.

iGENEA Basic

EUR 199.-

COMMANDER

Commandé par 9% des clients pour les analyses d'origine.

iGENEA Premium

EUR 449.-

COMMANDER

Commandé par 75% des clients pour les analyses d'origine.

iGENEA Expert

EUR 1099.-

COMMANDER

Commandé par 16% des clients pour les analyses d'origine.

"Enfin une origine juive est apparue du côté maternel."



Anja Pfeiffer
Allemagne

"Le test ADN a démontré que je suis d'origine Mizrahim."



Amit B.
Hod HaSharon, Israël

La judaïcité est-elle plus qu'une religion? Y-a-t- il un "gène juif"?

Les groupes ethniques qui se marient entre eux pour des générations sont génétiquement "liés". Il est scientifiquement incontesté que il ya des modèles génétiques qui apparaissent fréquemment chez les Juifs. Au cours des siècles les juifs ont développés une certaine homogénéité génétique qui est visible par un test ADN.

Par contre, le peuple juif n'est pas défini uniquement génétiquement. Nul test ne peut vous donner une preuve. Néanmoins, un test ADN généalogique peut confirmer une provenance juive.

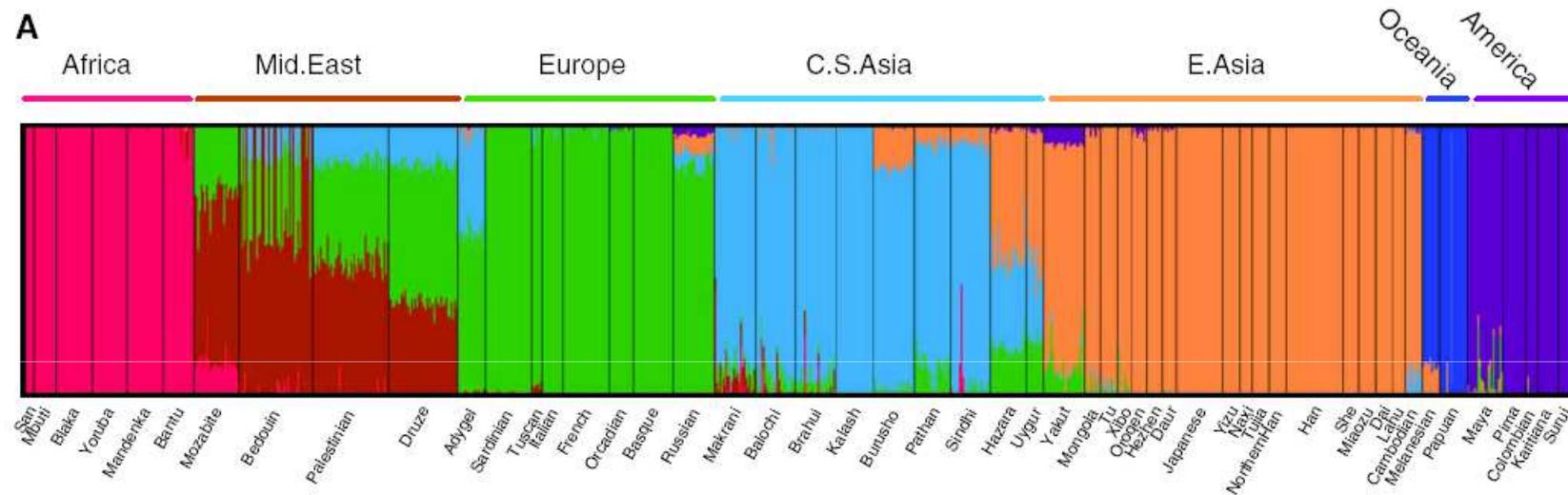
Même si vous n'appartenez pas à un haplogroupe juif typique, vous pouvez avoir quand même des racines juives. Par la comparaison du profil ADN avec tous les autres profils dans notre base de données (plus de 350.000), vous trouverez des personnes qui vous correspondent génétiquement (« cousins génétiques »). Si beaucoup de vos cousins génétiques sont de provenance juifs, la probabilité de que vous ayez des racines juives est très élevée.



In: Charlie-Hebdo, Hors série 23, « l'ADN expliqué à Sarkozy »

**Worldwide Human Relationships
Inferred from Genome-Wide
Patterns of Variation**

Jun Z. Li,^{1,2,4*} Devin M. Absher,^{1,2*} Hua Tang,¹ Audrey M. Southwick,^{1,2} Amanda M. Casto,¹
Sohini Ramachandran,⁴ Howard M. Cann,² Gregory S. Barsh,^{1,3} Marcus Feldman,^{4,‡}
Luigi L. Cavalli-Sforza,^{1,‡} Richard M. Myers^{1,2,‡}



Chaque individu est à la fois classé dans un groupe de référence et considéré comme issu d'un mélange génétique

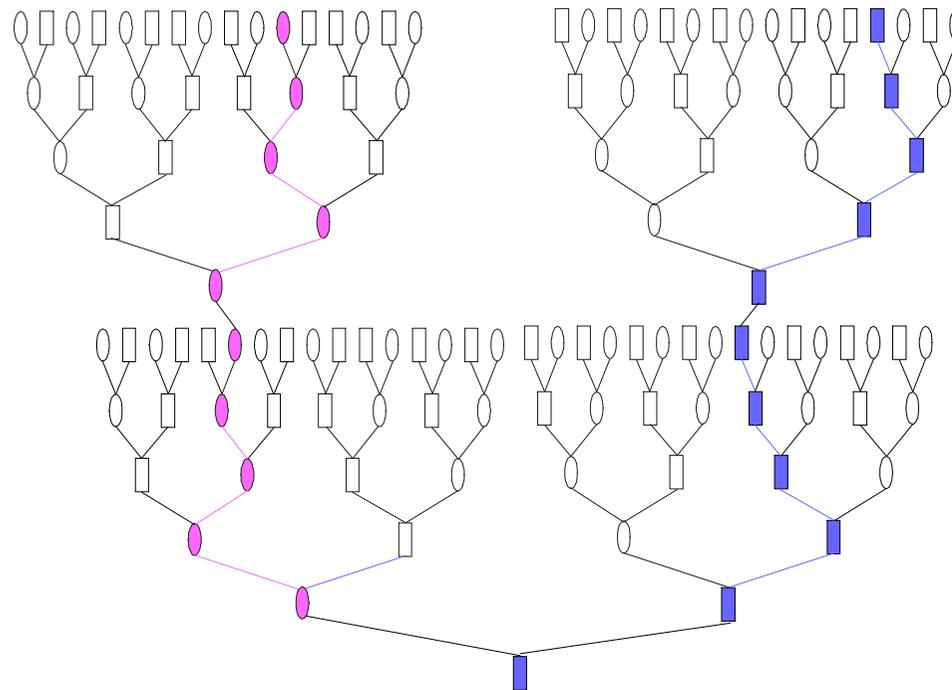
Services de généalogie sur Internet utilisant l'ADN

Très nombreux : Genographic Project ; 23andme ;
ancestryDNA ; ancestrybyDNA ; FamilyTreeDNA ;
iGENEA ; African Ancestry/myDNAMix ; Genetic
Genealogy ; Oxford Ancestors ; DNA Tribes ;
EthnoAncestry ; EuroDNA

Analyses basées sur la **lignée maternelle** (ADN mitochondrial) ou la **lignée paternelle** (chrom. Y)

ADNm
Lignée
maternelle

YChr
Lignée
paternelle



10 générations → 1000 ancêtres avec la même contribution sur notre ADN (en moyenne)

Utilisent l'information sur la proximité génétique actuelle pour retracer l'histoire des migrations


FamilyTreeDNA
Certificate – mtDNA
 Family Tree DNA certifies that a mitochondria DNA sample taken from

differs from the Cambridge Reference Sequence (CRS) at the numbered positions indicated
 by presence of the base designated A, C, G or T:

Haplogroup H **Sample #**

16354T

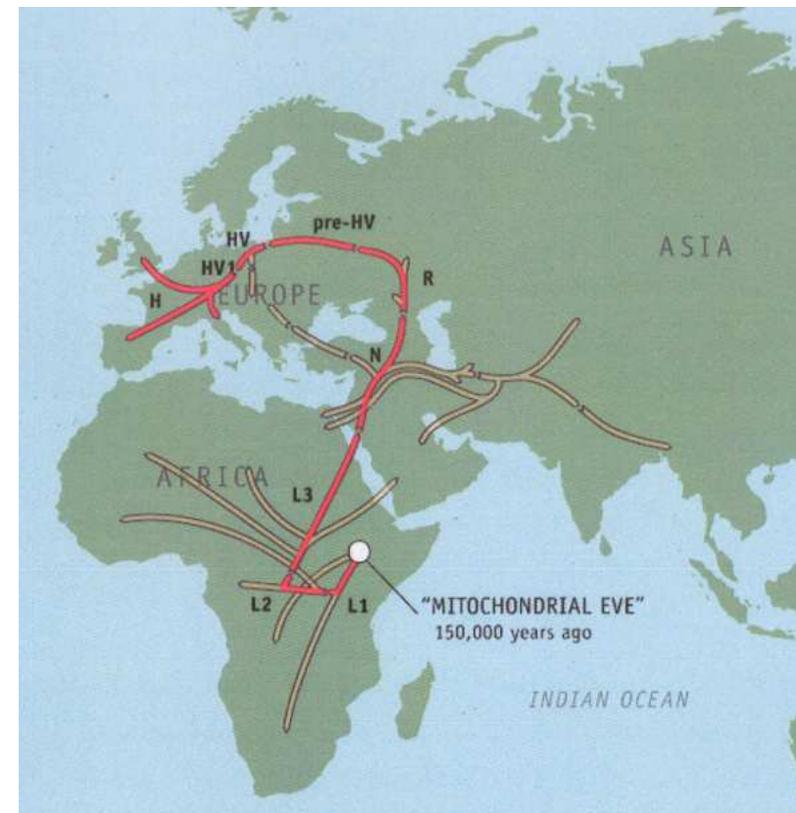
The letters designate the base – adenine, cytosine, guanine or thymine – that occurs at each of those positions in place
 of the one shown in the 569-base portion of the CRS printed below. These are distinctive of this sample and may be
 compared to other people to confirm or rule out common descent, providing genetic evidence of genealogical relationships.

16010	16020	16030	16040	16050	16060	16070	16080	16090	16100
ATCTCAATTT	AATCTATTCT	CTGTTCTTTC	ATGGGGAGCC	AGATTTGGGT	ACCACTCAAG	TATTGACTCA	CCCATCAACA	ACCGTATGTT	ATTTGGTACA
TGATGTGGNG	CGACCGAGAA	TATTTGACCG	TACCATAAAT	ACTTGACCAC	CTGTAGTACA	TAAAAACCCA	ATCCACATCA	AAACCCCTCT	CCCATGCTTA
CAAGCAATTA	CGGCAATCAA	CCCTCAACTA	TCACACATCA	ACTGCAACTC	GAAGGCACCC	CCTGCACCCAC	TAGGATACCA	ACAACCTTAC	CCACCTTTAA
CAGTACATAG	TACATAAAGC	CATTTACCGT	ACATAGACACA	TTCAGATCAA	ATCCCTCTCTC	GTCCGCATAG	ATGACCCCCC	TCTGATAGGG	GTCCCTTTAC
CACCAVCCCTC	CTTGAATATCA	ATATCCCTGCA	CAGAGTGGCT	ACTTCTCTCG	CTTGGGGTTC	ATACAGCTCTG	GGGTAGACTA	AACTGAACCTG	TATCCGACAT
CTGGTTGNTA	CTTLAGGGTTC	ATAAAGCCTA	AATAGCCAC	AAGTCCCTCT	TAAATAGAC	ATCACGATG			

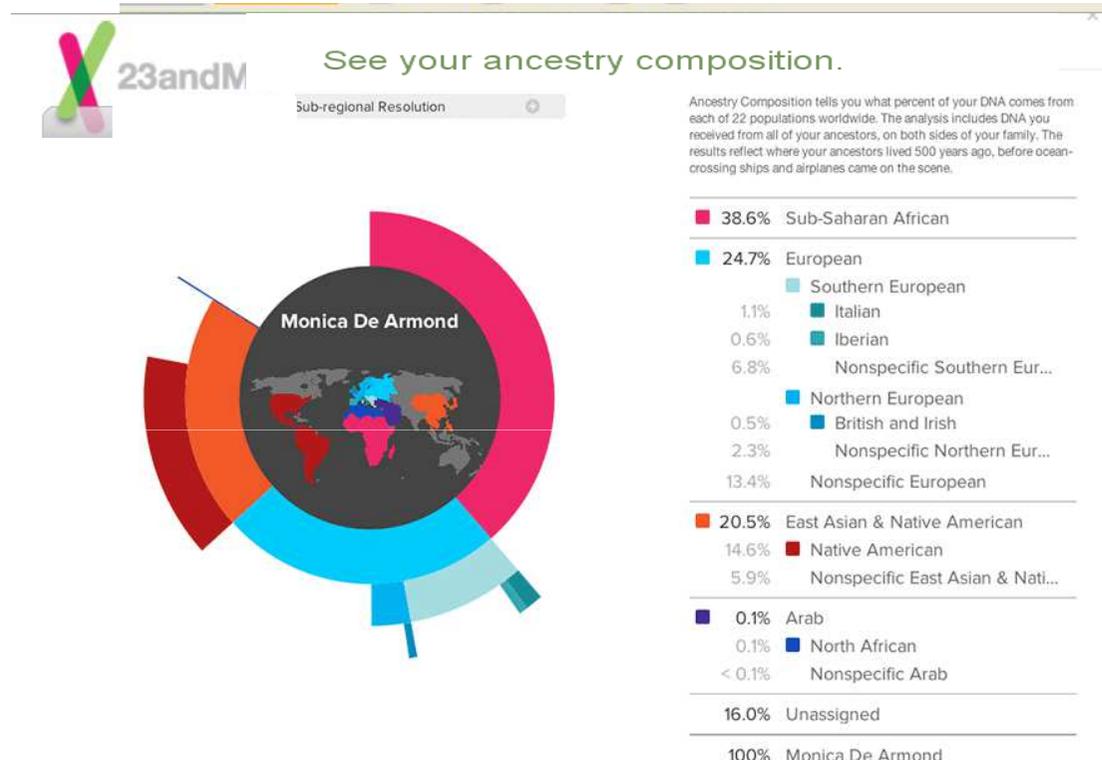
The Cambridge Reference Sequence is the accepted mtDNA standard. Each of the lines above lists 100 of the bases that occur in the CRS,
 starting at position 16,001 and ending with 16,569. Each line lists 100 positions, divided into groups of 10 for convenient reference. Each column
 is headed by the number for the last position in that group.

August 9, 2007

 Matthew E. Kaplan



Analyses basées sur tout l'ADN





Trace Your Family Lineages Back 10,000 Years and Beyond.

Got Neanderthal DNA?

An estimated **2.9%** of your DNA is from Neanderthals.



MODERN HUMANS

- Higher brow
- Narrower shoulders
- Slightly taller



NEANDERTHALS

- Heavy eyebrow ridge
- Long, low, bigger skull
- Prominent nose with developed nasal chambers for cold-air protection



Keep discovering with us.

Stay at the forefront of innovation and research with our exclusive Ancestry Labs.

Our Neanderthal Ancestry Lab provides an estimate of your genome-wide percentage of Neanderthal ancestry.

DNA Melody, one of our newest labs, looks at several components of your DNA and crafts a unique melody based on your genotype.

DNA MELODY



A 23ANDMELAB

These are just a few of 23andMe's experimental labs.

DÉBAT

**FAUT-IL AUTORISER LE RECOURS À
L'ADN POUR OBTENIR DES
INFORMATIONS SUR LES ORIGINES
DES PERSONNES ?**

ADN médecin

Diagnostic prénatal (DPN)

Analyse médicale avant la naissance de l'enfant pour détecter une maladie

- Échographie
- Analyses génétiques
 - amniocentèse pour prélever des cellules du fœtus
 - analyse des chromosomes / de l'ADN du fœtus
 - risque de fausse couche (varie de 1/300 à 1/100)

Encadrement légal du DPN par test génétique en France

- Uniquement pour les maladies d'une **particulière gravité**
- **Uniquement pour les** couples avec une histoire familiale de maladie ou sur détection à l'échographie
- **Consultation de génétique obligatoire** avec un spécialiste avant (information loyale, neutralité discours, temps de réflexion)
- Analyses réalisées dans un laboratoire agréé
- Résultats étudiés par une **équipe médicale pluridisciplinaire** (Centre Pluridisciplinaire de DPN)

Encadrement légal du DPN par test génétique en France

- Avis rendu à la femme (au couple) :
 - Orientation vers les structures thérapeutiques, les associations de malades...
 - **Affections incurables** et d'une **particulière gravité**
Sur demande de la femme : autorisation
d'interruption médicale de grossesse, signée par 2
médecins du CPDPN
 - Il n'existe pas de liste de maladies systématiquement éligible : cas par cas

Le DPN en chiffres (données Agence Biomédecine, rapport 2013)

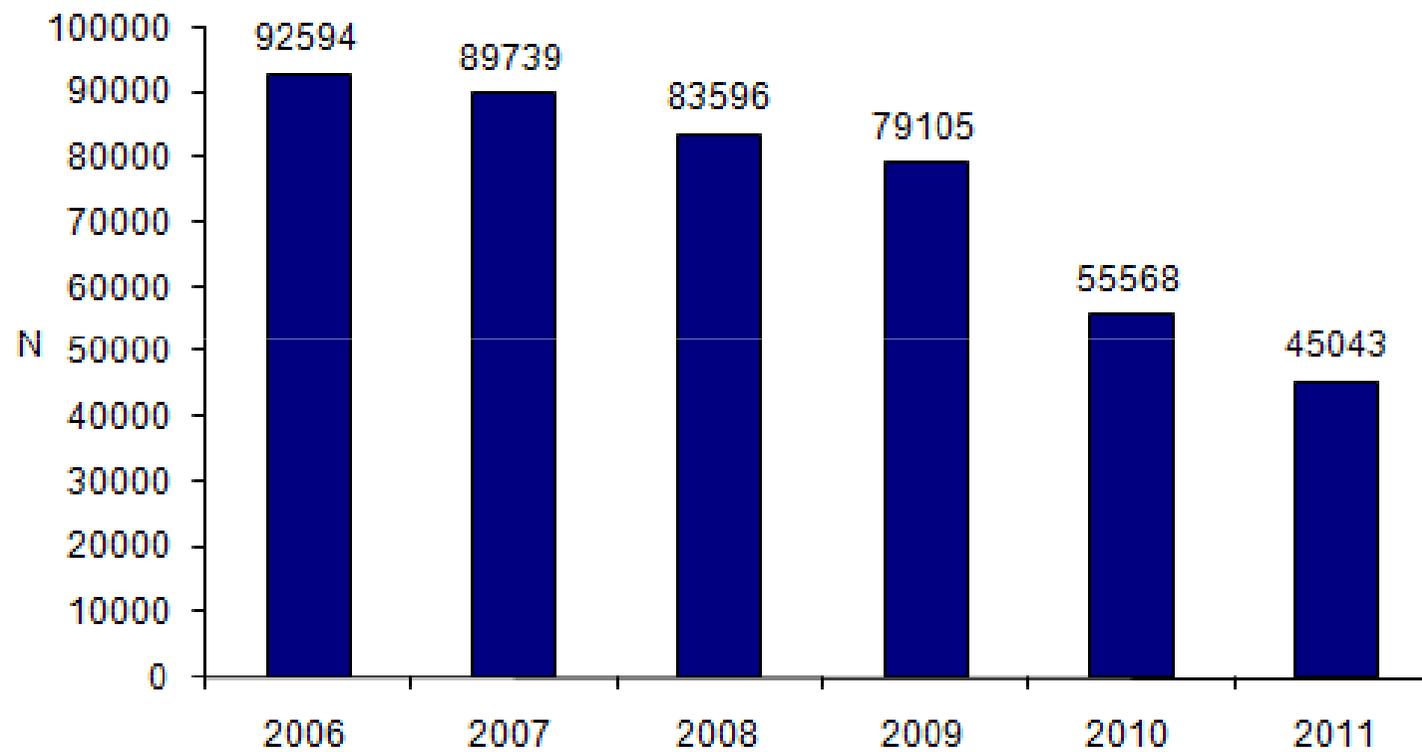
	Nombre de fœtus étudiés	Nombre de fœtus atteints	Nombre d'IMG réalisées
	2011	2011	2011
Autosomique récessif			
Mucoviscidose*	495	69	60
Amyotrophie Spinale*	153	26	25
Syndrome drépanocytaire majeur	226	38	22
Béta-Thalassémie	21	6	3
Autosomique dominant			
Dystrophie myotonique de Steinert	174	41	34
Achondroplasie*	196	24	19
Total	2783	569	449

Le dépistage prénatal de la trisomie 21

- Politique de santé publique généralisant le diagnostic prénatal de la trisomie à toutes les femmes enceinte à risque

1980	Toutes les femmes > 38 ans 15 ans : 1/1500 38 ans : 1/200
2009	Toutes les femmes dont le risque cumulé (âge, échographie et marqueurs sériques) > 1/250

Figure DPN1. Evolution du nombre de femmes ayant fait un prélèvement pour caryotype foetal



Impact du DPN sur la trisomie 21

- Nombre de trisomies 21 dépistées (source ABM)
 - 2008: 1903
 - 2009: 1918
 - 2010: 1934
 - 2011: 1942

- Taux de détection 2009 (source Eurocat)
 - Moyenne européenne: 65%
 - Taux Paris: 85%

DPN trisomie ADN de fœtus circulant dans le sang de la mère



Client Login | Contact Us

Search

About Us

Corporate

Careers

Contact Us

Patients

Healthcare Professionals

Customer Support

MaterniT21[™] PLUS

A noninvasive prenatal laboratory-developed test for fetal aneuploidies and fetal Y chromosome



[AMD](#)

[Cystic Fibrosis](#)

[Fetal RHD Genotyping](#)

[Trisomy 21, 18 and 13](#)

[Clinical Studies](#)

[Scientific Materials](#)

[Ordering Information](#)

Dès la 9^{ème}
semaine de
grossesse.
Amniocentèse de
confirmation

[Home](#) > [Healthcare Professionals](#) > [Trisomy 21, 18 and 13](#)

About the Test

The MaterniT21 PLUS test, developed and validated by Sequenom CMM, is a laboratory-developed test (LDT) that analyzes circulating cell-free DNA extracted from a maternal blood sample. The test detects the relative amount of 21, 18, 13 and Y chromosomal material.^{2, 10}

Test Method

Circulating cell-free DNA is purified from the plasma component of anti-coagulated maternal whole blood. The DNA is analyzed for autosomal and Y chromosomal material and converted into a genomic DNA library for the determination of chromosome 21, 18, 13 and Y representation based on massively parallel DNA sequencing.³

**Unique, Proven Circulating Cell-Free Fetal
Nucleic Acid (ccff) Technology**

More Info:

- [Clear. Convenient. Compelling.](#)
- [About the Test](#)
- [Performance Data](#)
- [References](#)

Who Should Be Tested?

The MaterniT21 PLUS test was clinically validated in a population of pregnant women with increased risk for chromosomal aneuploidy, including one or more of the following².

- **PrenaTest®**
- **Diagnostic prénatal**
- **Trisomie**
- **Service**
 - Vos interlocuteurs
 - Termes spécialisés de A à Z
 - Autres liens pertinents
- **Pour les spécialistes**

Autorisé en Allemagne,
Autriche, Suisse,
Lichtenstein

PrenaTest®

Basé sur un procédé innovant, le test diagnostique prénatal non invasif de LifeCodexx AG est déjà en mesure, à partir d'un échantillon de sang de la femme enceinte, d'exclure ou de confirmer avec certitude une trisomie 21.

Le point de départ du procédé de LifeCodexx est le constat que dans le sang d'une femme enceinte se trouvent des éléments de l'information génétique de l'enfant à naître (fragments d'ADN). Grâce à des procédés et des équipements de laboratoire innovants, LifeCodexx peut analyser ces éléments. Dans le jargon spécialisé, on parle de «séquençage de l'ADN». Au bout de quelques jours, le médecin chargé du test voit le résultat.

Le test diagnostique prénatal génétique moléculaire de LifeCodexx AG vient compléter le diagnostic prénatal en cas de grossesse à risque.

Lorsque le dépistage du premier trimestre effectué entre la 12^e et la 14^e semaine de grossesse donne un résultat anormal et qu'une probabilité qu'il y ait une trisomie 21 est calculée, le test diagnostique génétique moléculaire de LifeCodexx AG apporte des éclaircissements complémentaires. Et cela sans les risques potentiels que comporte une intervention invasive.

S'il vous plaît lire notre [brochure d'information](#) (en anglais).

Méthodes de recherche de diagnostic prénatal en comparaison:

	Entwicklungsdiagnostik mit Ultraschall und Bestimmung von Substanzen	Chromosomen-Analyse (Kultur) (21. Trisomie)	Amniocentese (fruchtwasserpunktion)	PränaTest®
Methode	Blutentnahme	Amnion	Fruchtwasser	Blutentnahme
Reichhaltigkeit	Hoch	Sehr hoch	Sehr hoch	Sehr hoch
Ergebnis	12 - 14. SSW	ab 10. SSW	ab 15. SSW	ab 10. SSW z.B. nach erfolgtem Ersttrimester-Screening
Ergebnisse	subtil	1-2 Wochen	1-2 Wochen	1 Woche



COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Le Laboratoire Cerba innove pour les femmes enceintes à risque de trisomie 21 fœtale : Le test génétique non invasif de la trisomie 21 fœtale est désormais réalisé en France.

Un défi technologique à l'épreuve de la clinique

Une simple prise de sang chez la femme enceinte permet aujourd'hui d'analyser les fragments d'ADN fœtal circulant dans son sang dès les premières semaines de grossesse. Issu d'une technologie innovante de séquençage à haut débit et d'analyse bio-informatique, le test génétique non invasif de la trisomie 21 fœtale (TGNi) vient d'être validé en clinique dans le cadre du protocole de recherche SEHDA (SEquençage à Haut Débit et Aneuploïdies) mené par le laboratoire de biologie médicale spécialisée Cerba.

Les résultats préliminaires de cette validation clinique portant sur plus de 900 patientes à risque de trisomie 21 fœtale confirment l'extrême fiabilité de ce test. Aujourd'hui, le Laboratoire Cerba est le premier à déployer ce test en pratique clinique, du prélèvement jusqu'au rendu du résultat. Il dispose d'une longue expérience du diagnostic prénatal sur ADN fœtal circulant dans le sang maternel, de l'expertise en génétique fœtale, de la technologie et de l'implantation territoriale nécessaires pour répondre aux besoins de la population.

Une avancée majeure au service de la pratique médicale

Depuis 2010, le dépistage de la trisomie 21 repose sur la mesure de marqueurs sériques dans le sang maternel au premier trimestre de la grossesse, combinée à une évaluation par échographie de la clarté nucale. En cas de risque calculé $\geq 1/250$, un prélèvement invasif (biopsie de villosités chorales ou amniocentèse) est envisagé pour établir le caryotype du fœtus.

Si le dépistage combiné a permis de réduire pratiquement de moitié le nombre de gestes invasifs, il reste globalement responsable chaque année de 100 à 200 fausses couches survenant après un prélèvement destiné à établir le caryotype fœtal (0,5 à 1 % après un geste invasif), la plupart des fœtus étant indemnes d'anomalie chromosomique.

Grâce à une sensibilité et une spécificité supérieures à 99%, le TGNi permettrait d'éviter environ 95% des examens invasifs et réduirait ainsi le nombre de fausses couches induites. Un test négatif permet d'exclure une trisomie 21 avec un très haut degré de fiabilité.

Une contribution reconnue dans le cadre des stratégies diagnostiques actuelles

Le TGNi s'adresse aux femmes présentant un risque $\geq 1/250$ de trisomie 21 fœtale. Il a reçu un avis favorable du Comité Consultatif National d'Éthique (CCNE) en avril 2013 et du Collège National des Gynécologues et Obstétriciens Français (CNOGF) en janvier 2013.

Novembre 2013

Délai 5-15 jours

Coût : 800 euros

Non remboursé par la
Sécurité sociale

➔ HAS attend le résultat de
l'étude comparative Safe 1,
à Necker

Carrier Testing for Severe Childhood Recessive Diseases by Next-Generation Sequencing

Callum J. Bell,^{1*} Darrell L. Dinwiddie,^{1,2*} Neil A. Miller,^{1,2} Shannon L. Hateley,¹
Elena E. Ganusova,¹ Joann Mudge,¹ Ray J. Langley,¹ Lu Zhang,³ Clarence C. Lee,⁴
Faye D. Schilkey,¹ Vrunda Sheth,⁴ Jimmy E. Woodward,¹ Heather E. Peckham,⁴
Gary P. Schroth,³ Ryan W. Kim,¹ Stephen F. Kingsmore^{1,2†}

Recherche de mutations pour 448 maladies pédiatriques récessives sévères (hors retard mental) chez 104 individus non malades.

Chacun porte en moyenne 2,8 mutations, le nombre de mutations trouvées varie de 0 à 7.

Test sur ADN de fœtus circulant dans le sang de la mère en cours de développement

bienvenue à

easyDNA.FR

ISO 17025
TEST ACCRÉDITÉ



Accueil

Contactez-nous

Voulez-Vous Être Contacté?

Commandes / Liste de Prix



Attendez-vous un
Garçon ou une Fille?

99% de précision
sur le Test ADN
de genre!

TESTS ADN

Test de Paternité

Test de Paternité Prénatal

Test de Liens de Parenté

Test pour le Sexe du Bébé

Test de Zygosité de Jumeaux

Profils ADN

Test ADN d'Infidélité

Test ADN de Prédilection
Génétique

Services Médico-légaux

SERVICE

Modes de Paiement

Exemple de Résultat Test ADN

Test ADN Express

Fille ou Garçon ? Test ADN pour connaître le sexe de l'enfant

Le **test connaître le sexe de l'enfant** offert par easyDNA vous permet de savoir si l'enfant à naître sera de sexe masculin ou féminin et cela de manière très exacte. Un échantillon d'urine de la mère enceinte suffit pour garantir dès la **9^e semaine d'aménorrhée ou de gestation complète**, une précision du résultat à **99 %**. Plus besoin de se soumettre à des prises de sang, souvent gênantes et parfois douloureuses.

Il est normal que les parents tiennent à connaître de quel sexe sera leur bébé, non seulement au niveau psychologique, mais aussi pour la gestion de la maison etc. Aucune méthode scientifique jusqu'à présent était capable, de vous donner un résultat aussi fiable et aussi tôt dans la grossesse.

Passer commande dès maintenant, vous aurez votre kit et les instructions d'emploi en moins de 72 heures.

Le **coût du test** pour connaître le sexe du bébé durant la grossesse est de **279 €**.

Une fois l'échantillon d'urine envoyé de retour au laboratoire, à l'aide d'une enveloppe fournie dans le kit et déjà affranchie, le **résultat** est prêt en un minimum de **7** et un maximum de **10 jours ouvrables**.



Test de Paternité
Prénatal
non invasif

Comment le Test de Paternité Prénatal fonctionne-t-il ?

La science a démontré depuis longtemps qu'il y a présence d'ADN fœtal dans le sang de la mère pendant la grossesse. Grâce à une technologie hypermoderne, nous sommes désormais en mesure d'isoler l'ADN fœtal libre dans le plasma sanguin de la mère et d'analyser **300 000 marqueurs génétiques** pour établir la paternité. Grâce à cette procédure, notre test de paternité prénatal non invasif est le plus précis au monde!

Ce n'est pas possible procéder au test uniquement si la mère est enceinte avec des jumeaux ou si les père sont des parents biologique.

Le Coût du Test Prénatal pendant Grossesse

Il est possible de réaliser ce test à partir de la **10^e semaine aménorrhée ou de gestation**. Les résultats sont disponibles dans un délai de **5 à 7 jours ouvrables**, à compter du jour de la réception des échantillons au laboratoire. Pour calculer de combien êtes-vous enceinte, cliquer sur [Calculatrice de grossesse](#).

Le coût de notre test prénatal non invasif en France est de **1200 €**

DÉBAT

**FAUT-IL AUTORISER LE RECOURS
AUX TESTS SANGUINS POUR
DÉPISTER LA TRISOMIE ?
ET POUR LES AUTRES MALADIES, LE
SEXE, LA PATERNITÉ... ?**



Comité Consultatif National d'Éthique pour
les sciences de la vie et de la santé

AVIS N° 120

Questions éthiques associées au développement
des tests génétiques fœtaux sur sang maternel

Avis rendu public le 25 avril 2013





Comité Consultatif National d'Éthique pour
les sciences de la vie et de la santé

Les questions

AVIS N° 120

1. Dans le cas particulier de la trisomie 21
2. Avis général sur les problèmes liés aux DPN non invasif associé aux technologies de séquençage à haut débit et au risque de “dérive eugéniste”

Avis rendu public le 25 avril 2013



Comité Consultatif National d'Ethique pour
les sciences de la vie et de la santé

Recommandations

1. Valide le recours au DPN non invasif pour les femmes à risque et à terme pour toutes les femmes
2. Pas d'opposition systématique à la généralisation du DPN non invasif avec les restrictions suivantes :
 - Uniquement pour les maladies d'une particulière gravité sans traitement au moment du diagnostic
 - Filtrer l'information des WGS ou WES
 - Ne doit pas impacter la qualité de vie des patients vivant aujourd'hui avec ces maladies
 - La société doit faire une place aux différences
 - Refuse d'instaurer un droit à la bonne santé pour les enfants à naître
 - "La normalité humaine ne devrait-elle pas inclure les handicaps et les maladie ?"